

DOCKET NO.

192 US0PCT

416 Rec'd PCT

09/555529

09 JUN 2000

IN THE UNITED STATES PATENT AND TRADEMARK OFFICE

IN RE APPLICATION OF: Patricia KANNOUCHE, et al.

SERIAL NUMBER: NEW U.S. PCT APPLICATION (based on PCT/FR98/02667)

FILED: HEREWITH

FOR: SEQUENCES ENCODING A KIN17 PROTEIN AND USES THEREOF

REQUEST FOR CONSIDERATION OF DOCUMENTS
CITED IN INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Assistant Commissioner for Patents
Washington, D.C. 20231

Sir:

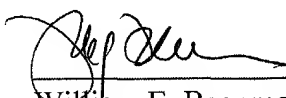
In the matter of the above-identified application for patent, notice is hereby given that applicant(s) request that the Examiner consider the documents cited in the International Search Report according to MPEP §609 and so indicate by a statement in the first Office Action that the information has been considered. When the Form PCT/DO/EO/903 indicates both the search report and copies of the documents are present in the national stage file, there is no requirement for the applicant(s) to submit them (1156 O.G. 91 November 23, 1993).

Respectfully submitted,

OBLON, SPIVAK, McCLELLAND,
MAIER & NEUSTADT, P.C.



22850


William E. Beaumont
Attorney of Record
Registration No. 30,996

(703) 413-3000
Fax No. (703) 413-2220
(OSMMN 1/97)

TRAITE DE COOPERATION EN MATIERE DE BREVETS

PCT

NOTIFICATION D'ELECTION

(règle 61.2 du PCT)

Expéditeur: le BUREAU INTERNATIONAL

Destinataire:

United States Patent and Trademark
Office
(Box PCT)
Crystal Plaza 2
Washington, DC 20231
ÉTATS-UNIS D'AMÉRIQUE

en sa qualité d'office élu

Date d'expédition (jour/mois/année) 06 août 1999 (06.08.99)	
Demande internationale no PCT/FR98/02667	Référence du dossier du déposant ou du mandataire BLOcp263/35P
Date du dépôt international (jour/mois/année) 09 décembre 1998 (09.12.98)	Date de priorité (jour/mois/année) 09 décembre 1997 (09.12.97)
Déposant KANNOUCHE, Patricia etc	

1. L'office désigné est avisé de son élection qui a été faite:



dans la demande d'examen préliminaire international présentée à l'administration chargée de l'examen préliminaire international le:

25 juin 1999 (25.06.99)



dans une déclaration visant une élection ultérieure déposée auprès du Bureau international le:

2. L'élection



a été faite



n'a pas été faite

avant l'expiration d'un délai de 19 mois à compter de la date de priorité ou, lorsque la règle 32 s'applique, dans le délai visé à la règle 32.2b).

Bureau international de l'OMPI
34, chemin des Colombettes
1211 Genève 20, Suisse

no de télécopieur: (41-22) 740.14.35

Fonctionnaire autorisé

Antonia Muller

no de téléphone: (41-22) 338.83.38

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Inter national Application No

PCT/FR 98/02667

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12N15/12 C12Q1/68 C07K14/47 A61K38/17 A61K31/70

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C07K C12N

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	P. KANNOUCHE ET AL: "Overexpression of Kin17 protein forms intranuclear foci in mammalian cells" BIOCHIMIE, vol. 79, no. 9-10, October 1997, pages 599-606, XP002076394	2-4, 15-17, 27
A	* whole document in particular pages 600 and 601 -/-	1, 6-14, 18-21, 23, 31

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"S" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

15 April 1999

Date of mailing of the international search report

03/05/1999

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patenlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel: (+31-70) 340-2040, Tlx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Le Cornec, N

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Inter. Appl. Application No.

PCT/FR 98/02667

C. (Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to Claim No.
X	FR 2 706 487 A (COMMISSARIAT A L' ENERGIE ATOMIQUE) 23 December 1994 cited in the application	1,6
A	see claims; figures 1,8; examples 1-3,7 see page 6, line 17 - page 7 see page 8, line 25 - line 33 see page 8, line 34 - page 9, line 30 see page 6, line 19 - page 7, line 36 see page 5, line 10 - line 20 see page 10, line 13 - page 11, line 10	7-14, 31, 32
A	D.S.F. BIARD ET AL: "Differential expression of the hskin17 protein during differentiation of in vitro reconstructed human skin" ARCHIVES OF DERMATOLOGICAL RESEARCH, vol. 289, no. 8, July 1997, pages 448-456, XP002076395 cited in the application see abstract see page 455, left-hand column see page 453, right-hand column see page 451, right-hand column see page 449, left-hand column	1, 15, 23, 24
A	A. MAZIN ET AL: "kin17, a mouse nuclear zinc finger protein that binds preferentially to curved DNA" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 22, no. 20, 1994, pages 4335-4341, XP002076396 OXFORD GB cited in the application see page 4336 see page 4337, right-hand column - page 4338, left-hand column	2-5, 15-18, 31
X	M.D. ADAMS ET AL: "EST63674 Jurkat T-cells V Homo sapiens cDNA5' end similar to zinc finger protein KIN17" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ60420, ACCESSION NUMBER AA355283, 18 April 1997, XP002099852 see abstract & M.D. ADAMS ET AL: "initial assessment of human gene diversity and expression patterns based upon 83 million nucleotides of cDNA sequence" NATURE, vol. 377, 1995, pages 3-174, LONDON GB	6

-/--

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intel onal Application No

PCT/FR 98/02667

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	J.F. ANGULO ET AL: "Identification and expression of the cDNA of KIN17, a zinc-finger gene located on mouse chromosome 2, encoding a new DNA-binding protein" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 19, no. 19, 1991, pages 5117-5123, XP002076397 OXFORD GB cited in the application	1,6,27
A	see the whole document	7-14
A	D.S.F. BIARD ET AL: "Enhanced expression of the Kin17 protein immediately after low doses of ionizing radiation" RADIATION RESEARCH, vol. 147, no. 4, April 1997, pages 442-450, XP002076398 cited in the application see the whole document	23,24
A	J.F. ANGULO ET AL: "Identification of a mouse cDNA fragment whose expressed polypeptide reacts with anti-Reca antibodies" BIOCHIMIE, vol. 73, no. 2-3, March 1991, pages 251-256, XP002076423 cited in the application see page 255; figure 3 see page 254	6,31
A	A. TISSIER ET AL: "Molecular cloning and characterization of the mouse Kin17 gene coding for a Zn-finger protein that preferentially recognizes Bent DNA" GENOMICS, vol. 38, no. 2, 1 December 1996, pages 238-242, XP002099853 see the whole document	1,6-14
T	P. KANNOUCHE ET AL: "The nuclear concentration of Kin17, a mouse protein that binds to curved DNA, increases during cell proliferation and after UV irradiation" CARCINOGENESIS, vol. 19, no. 5, May 1998, pages 781-789, XP002076399	

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/FR 98/02667

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
FR 2706487 A	23-12-1994	NONE	

W/V
TRAITE DE COOPERATION EN MATIERE DE BREVETS

PCT

REC'D 30 MARS 2000

RAPPORT D'EXAMEN PRELIMINAIRE INTERNATIONAL

(article 36 et règle 70 du PCT)

17 T



Référence du dossier du déposant ou du mandataire 2315.WO	POUR SUITE A DONNER voir la notification de transmission du rapport d'examen préliminaire international (formulaire PCT/IPEA/416)	
Demande internationale n° PCT/FR98/02663	Date du dépôt international (jour/mois/année) 08/12/1998	Date de priorité (jour/mois/année) 08/12/1997
Classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois classification nationale et CIB B62B7/08		
Déposant AMPAFRANCE et al.		

1. Le présent rapport d'examen préliminaire international, établi par l'administration chargée de l'examen préliminaire international, est transmis au déposant conformément à l'article 36.
2. Ce RAPPORT comprend 7 feuilles, y compris la présente feuille de couverture.
 - ☐ Il est accompagné d'ANNEXES, c'est-à-dire de feuilles de la description, des revendications ou des dessins qui ont été modifiées et qui servent de base au présent rapport ou de feuilles contenant des rectifications faites auprès de l'administration chargée de l'examen préliminaire international (voir la règle 70.16 et l'instruction 607 des Instructions administratives du PCT).

Ces annexes comprennent feuilles.

3. Le présent rapport contient des indications relatives aux points suivants:

- I ☒ Base du rapport
- II ☐ Priorité
- III ☐ Absence de formulation d'opinion quant à la nouveauté, l'activité inventive et la possibilité d'application industrielle
- IV ☒ Absence d'unité de l'invention
- V ☒ Déclaration motivée selon l'article 35(2) quant à la nouveauté, l'activité inventive et la possibilité d'application industrielle; citations et explications à l'appui de cette déclaration
- VI ☐ Certains documents cités
- VII ☒ Irrégularités dans la demande internationale
- VIII ☐ Observations relatives à la demande internationale

Date de présentation de la demande d'examen préliminaire internationale 28/06/1999	Date d'achèvement du présent rapport 27.03.00
Nom et adresse postale de l'administration chargée de l'examen préliminaire international:  Office européen des brevets D-80298 Munich Tél. +49 89 2399 - 0 Tx: 523656 epmu d Fax: +49 89 2399 - 4465	Fonctionnaire autorisé Ferranti, M N° de téléphone +49 89 2399 8846 

**RAPPORT D'EXAMEN
PRELIMINAIRE INTERNATIONAL**

Demande internationale n° PCT/FR98/02663

I. Base du rapport

1. Ce rapport a été rédigé sur la base des éléments ci-après (*les feuilles de remplacement qui ont été remises à l'office récepteur en réponse à une invitation faite conformément à l'article 14 sont considérées, dans le présent rapport, comme "initialement déposées" et ne sont pas jointes en annexe au rapport puisqu'elles ne contiennent pas de modifications.*) :

Description, pages:

1-20 version initiale

Revendications, N°:

1-28 version initiale

Dessins, feuilles:

1/9-9/9 version initiale

2. Les modifications ont entraîné l'annulation :

☐ de la description, pages :

☐ des revendications, n°s :

☐ des dessins, feuilles :

3. ☐ Le présent rapport a été formulé abstraction faite (de certaines) des modifications, qui ont été considérées comme allant au-delà de l'exposé de l'invention tel qu'il a été déposé, comme il est indiqué ci-après (règle 70.2(c)) :

4. Observations complémentaires, le cas échéant :

IV. Absence d'unité de l'invention

1. En réponse à l'invitation à limiter les revendications ou à payer des taxes additionnelles, le déposant a

☐ limité les revendications.

☐ payé des taxes additionnelles.

☐ payé des taxes additionnelles sous réserve.

**RAPPORT D'EXAMEN
PRELIMINAIRE INTERNATIONAL**

Demande internationale n° PCT/FR98/02663

- ☐ ni limité les revendications ni payé des taxes additionnelles.
2. ☒ L'administration chargée de l'examen préliminaire international estime qu'il n'est pas satisfait à l'exigence d'unité d'invention et décide, conformément à la règle 68.1, de ne pas inviter le déposant à limiter les revendications ou à payer des taxes additionnelles.
3. L'administration chargée de l'examen préliminaire international estime que, aux termes des règles 13.1, 13.2 et 13.3,
- ☐ il est satisfait à l'exigence d'unité de l'invention.
- ☒ il n'est pas satisfait à l'exigence d'unité de l'invention, et ce pour les raisons suivantes :
- voir feuille séparée**
4. En conséquence, les parties suivantes de la demande internationale ont fait l'objet d'un examen préliminaire international lors de la formulation du présent rapport :
- ☒ toutes les parties de la demande.
- ☐ les parties relatives aux revendications n°s .

V. Déclaration motivée selon l'article 35(2) quant à la nouveauté, l'activité inventive et la possibilité d'application industrielle; citations et explications à l'appui de cette déclaration

1. Déclaration

Nouveauté	Oui : Revendications 1-28
	Non : Revendications
Activité inventive	Oui : Revendications 1-28
	Non : Revendications
Possibilité d'application industrielle	Oui : Revendications 1-28
	Non : Revendications

2. Citations et explications

voir feuille séparée

VII. Irrégularités dans la demande internationale

Les irrégularités suivantes, concernant la forme ou le contenu de la demande internationale, ont été constatées :

voir feuille séparée

Concernant le point IV**Absence d'unité de l'invention**

1. Cette administration chargée de l'examen préliminaire international estime que la demande ne satisfait pas à l'exigence d'unité d'invention telle que définie à la Règle 13 du PCT; elle émet néanmoins une opinion écrite basée sur la totalité de la demande (Règle 68(2) du PCT).

En particulier, le jeu de revendications 1 à 28 tel que déposé comporte les **trois** inventions suivantes incluses dans la demande:

Invention 1 (décrite dans les revendications 1 à 8)

Ces revendications définissent une poussette pliante, du type présentant deux bras-poussoirs, ayant comme caractéristique particulière des éléments de support du hamac coulissants le long des bras-poussoir. Cette caractéristique permet un pliage compact de la poussette résultant en un encombrement inférieur à celui des poussettes connues.

Invention 2 (décrite dans les revendications 9 à 18)

L'objet de ces revendications définit une poussette pliante, du type présentant deux bras-poussoirs comportant comme caractéristique particulière un arceau de maintien qui se plie et se met en position automatiquement. Cette caractéristique simplifie la manipulation de la poussette, le pliage et le dépliage se faisant en une seule opération.

Invention 3 (décrite dans les revendications 19 à 28)

Ces revendications concernent une poussette pliante, du type présentant deux bras-poussoirs ayant comme caractéristique particulière des moyens de sécurité comprenant des éléments de blocage du coulissement des bras-poussoirs le long des piètements. Cette caractéristique résout le problème d'empêcher le repliement accidentel de la poussette lorsqu'un enfant est présent dans le hamac.

2. Les trois inventions séparées susmentionnées ne sont pas liées entre elles de sorte à former un seul concept inventif général (règle 13.1 PCT). Elles comportent des problèmes techniques différents et qui ne sont pas résolus par des caractéristiques particulières communes.

En effet, il n'y a pas de correspondance entre les caractéristiques techniques particulières de ces inventions: l'objet de l'invention 1 est un élément coulissant de support du hamac, l'objet de l'invention 2 concerne un arceau de maintien et de protection de l'enfant transporté dans la poussette tandis que l'objet de l'invention 3 se réfère à des moyens de sécurité contre le repliage intempestif de la poussette. Par conséquent ces trois inventions ne sont pas liées entr'elles de sorte à former un seul concept inventif général.

Concernant le point V

Déclaration motivée selon la règle 66.2(a)(ii) quant à la nouveauté, l'activité inventive et la possibilité d'application industrielle; citations et explications à l'appui de cette déclaration

3. Il est fait référence au document suivant:

D1 = FR-A-2 693 162

4. Le document D1 est considéré comme étant l'état de la technique le plus proche de l'objet des revendications 1, 9, 19 et 28. Le document en question expose les caractéristiques suivantes (les références entre parenthèses s'appliquent à ce document):

"Poussette pliante, du type présentant deux bras-poussoirs (8a, 8b) susceptibles de coulisser sensiblement parallèlement à des piètements (2a, 2b) du châssis de ladite poussette, entre deux positions extrêmes:

- une position déployée, dans laquelle lesdits bras-poussoirs (8a, 8b) sont déployés, ladite poussette développant un hamac (nacelle 32) prêt à recevoir un enfant, et

- une position pliée, dans laquelle lesdits bras-poussoirs (8a, 8b) sont au moins partiellement ramenés le long desdits piètements (2a, 2b), de façon à réduire l'encombrement de ladite poussette",

qui correspondent aux préambules des revendications 1, 9 et 19. La poussette décrite dans le document D1 comporte aussi un dispositif de verrouillage en position déployée (voir page 11, lignes 26-29), ce qui correspond au préambule de la revendication 28.

Les objets des revendications 1, 9, 19 et 28 diffèrent donc de la poussette pliante connue du D1. L'objet de ces revendications est donc nouveau (article 33(2) PCT).

5. Les problèmes que les inventions revendiquées dans la présente demande se proposent de résoudre doivent être vus dans la réalisation d'une poussette pliante capable d'être pliée simplement et de façon particulièrement compacte, ainsi que d'être équipée d'un arceau de maintien qui se met automatiquement en position et pouvant aussi assurer à l'enfant une sécurité contre tout repliage intempestif.

Les solutions de ces problèmes, telles que proposées dans les revendications 1, 9, 19 et 28 de la présente demande, peuvent être considérées comme impliquant une activité inventive (article 33(3) PCT).

En effet, la combinaison des caractéristiques de la revendication 1 et en particulier la solidarisation du hamac aux bras poussoir au moyen d'éléments mobiles en translation n'est pas comprise dans l'état de la technique connu et n'en découle pas à l'évidence.

Il en est de même pour la combinaison des caractéristiques de la revendication 9, en particulier les moyens de guidage et de maintien assurant le positionnement automatique de l'anneau de maintien objet de la revendication 9.

Aussi les caractéristiques des revendications 19 et 28, en particulier les éléments de blocage montés sur un bras poussoir et sur le piètement correspondant, ne

sont pas comprises dans l'état de la technique divulgué dans le rapport de recherche.

6. Les revendications 2 à 8 ainsi que les revendications 10 à 18 et les revendications 20 à 27 dépendent respectivement des revendications 1, 9 et 19 et satisfont donc également, en tant que revendications dépendantes, aux conditions requises par le PCT en ce qui concerne la nouveauté et l'activité inventive.

Concernant le point VII

Irrégularités dans la demande internationale

7. Les caractéristiques figurant dans les revendications ne comportent pas de signes de référence mis entre parenthèses (règle 6.2 b) PCT).
8. L'objet de la revendication 9 étant une poussette, la partie caractérisante devrait se référer à "...ce qu'elle comprend ..."

TRAITE DE COOPERATION EN MATIERE DE BREVETS

PCT

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

(article 18 et règles 43 et 44 du PCT)

Référence du dossier du déposant ou du mandataire BL0cp263/35P	POUR SUITE A DONNER voir la notification de transmission du rapport de recherche internationale (formulaire PCT/ISA/220) et, le cas échéant, le point 5 ci-après	
Demande internationale n° PCT/FR 98/ 02667	Date du dépôt international(jour/mois/année) 09/12/1998	(Date de priorité (la plus ancienne) (jour/mois/année) 09/12/1997
Déposant COMMISSARIAT A L'ENERGIE ATOMIQUE et al.		

Le présent rapport de recherche internationale, établi par l'administration chargée de la recherche internationale, est transmis au déposant conformément à l'article 18. Une copie en est transmise au Bureau international.

Ce rapport de recherche internationale comprend 4 feuilles.

☒ Il est aussi accompagné d'une copie de chaque document relatif à l'état de la technique qui y est cité.

1. Base du rapport

- a. En ce qui concerne la **langue**, la recherche internationale a été effectuée sur la base de la demande internationale dans la langue dans laquelle elle a été déposée, sauf indication contraire donnée sous le même point.
- ☐ la recherche internationale a été effectuée sur la base d'une traduction de la demande internationale remise à l'administration.
- b. En ce qui concerne les **séquences de nucléotides ou d'acides aminés** divulguées dans la demande internationale (le cas échéant), la recherche internationale a été effectuée sur la base du listage des séquences :
- ☒ contenu dans la demande internationale, sous forme écrite.
- ☒ déposée avec la demande internationale, sous forme déchiffrable par ordinateur.
- ☐ remise ultérieurement à l'administration, sous forme écrite.
- ☐ remise ultérieurement à l'administration, sous forme déchiffrable par ordinateur.
- ☐ La déclaration, selon laquelle le listage des séquences présenté par écrit et fourni ultérieurement ne vas pas au-delà de la divulgation faite dans la demande telle que déposée, a été fournie.
- ☐ La déclaration, selon laquelle les informations enregistrées sous forme déchiffrable par ordinateur sont identiques à celles du listage des séquences présenté par écrit, a été fournie.

2. ☐ Il a été estimé que certaines revendications ne pouvaient pas faire l'objet d'une recherche (voir le cadre I).

3. ☐ Il y a absence d'unité de l'invention (voir le cadre II).

4. En ce qui concerne le titre,

- ☒ le texte est approuvé tel qu'il a été remis par le déposant.
- ☐ Le texte a été établi par l'administration et a la teneur suivante:

5. En ce qui concerne l'abrégé,

- ☒ le texte est approuvé tel qu'il a été remis par le déposant
- ☐ le texte (reproduit dans le cadre III) a été établi par l'administration conformément à la règle 38.2b). Le déposant peut présenter des observations à l'administration dans un délai d'un mois à compter de la date d'expédition du présent rapport de recherche internationale.

6. La figure des dessins à publier avec l'abrégé est la Figure n°

- ☐ suggérée par le déposant.
- ☐ parce que le déposant n'a pas suggéré de figure.
- ☐ parce que cette figure caractérise mieux l'invention.

☐ Aucune des figures n'est à publier.

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Demande internationale No

FR 98/02667

A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE

CIB 6 C12N15/12 C12Q1/68 C07K14/47 A61K38/17 A61K31/70

Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB

B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE

Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement)

CIB 6 C07K C12N

Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche

Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si réalisable, termes de recherche utilisés)

C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie °	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	P. KANNOUCHE ET AL: "Overexpression of KIn17 protein forms intranuclear foci in mammalian cells"	2-4, 15-17,27
A	BIOCHIMIE, vol. 79, no. 9-10, octobre 1997, pages 599-606, XP002076394 * le document en entier plus particulièrement pages 600 et 601*	1,6-14, 18-21, 23,31
	--- -/--	

☒ Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents

☒ Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe

° Catégories spéciales de documents cités:

"A" document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent

"E" document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date

"L" document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée)

"O" document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens

"P" document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée

"T" document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention

"X" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément

"Y" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier

"&" document qui fait partie de la même famille de brevets

Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée

15 avril 1999

Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale

03/05/1999

Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale

Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Fonctionnaire autorisé

Le Cornec, N

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Demande Internationale No

/FR 98/02667

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	FR 2 706 487 A (COMMISARIAT A L' ENERGIE ATOMIQUE) 23 décembre 1994 cité dans la demande	1,6
A	voir revendications; figures 1,8; exemples 1-3,7 voir page 6, ligne 17 - page 7 voir page 8, ligne 25 - ligne 33 voir page 8, ligne 34 - page 9, ligne 30 voir page 6, ligne 19 - page 7, ligne 36 voir page 5, ligne 10 - ligne 20 voir page 10, ligne 13 - page 11, ligne 10	7-14,31, 32
A	D.S.F. BIARD ET AL: "Differential expression of the hsKin17 protein during differentiation of in vitro reconstructed human skin" ARCHIVES OF DERMATOLOGICAL RESEARCH, vol. 289, no. 8, juillet 1997, pages 448-456, XP002076395 cité dans la demande voir abrégé voir page 455, colonne de gauche voir page 453, colonne de droite voir page 451, colonne de droite voir page 449, colonne de gauche	1,15,23, 24
A	A. MAZIN ET AL: "kin17, a mouse nuclear zinc finger protein that binds preferentially to curved DNA" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 22, no. 20, 1994, pages 4335-4341, XP002076396 OXFORD GB cité dans la demande voir page 4336 voir page 4337, colonne de droite - page 4338, colonne de gauche	2-5, 15-18,31
X	M.D. ADAMS ET AL: "EST63674 jurkat T-cells V Homo sapiens cDNA5' end similar to zinc finger protein KIN17" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ60420, ACCESSION NUMBER AA355283,18 avril 1997, XP002099852 voir abrégé & M.D. ADAMS ET AL: "initial assessment of human gene diversity and expression patterns based upon 83 million nucleotides of cDNA sequence" NATURE., vol. 377, 1995, pages 3-174, LONDON GB	6

-/--

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Demande internationale No

/FR 98/02667

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	J.F. ANGULO ET AL: "Identification and expression of the cDNA of KIN17, a zinc-finger gene located on mouse chromosome 2, encoding a new DNA-binding protein" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 19, no. 19, 1991, pages 5117-5123, XP002076397 OXFORD GB cité dans la demande	1,6,27
A	voir le document en entier	7-14
A	D.S.F. BIARD ET AL: "Enhanced expression of the Kin17 protein immediately after low doses of ionizing radiation" RADIATION RESEARCH, vol. 147, no. 4, avril 1997, pages 442-450, XP002076398 cité dans la demande voir le document en entier	23,24
A	J.F. ANGULO ET AL: "Identification of a mouse cDNA fragment whose expressed polypeptide reacts with anti-Reca antibodies" BIOCHIMIE, vol. 73, no. 2-3, mars 1991, pages 251-256, XP002076423 cité dans la demande voir page 255; figure 3 voir page 254	6,31
A	A. TISSIER ET AL: "Molecular cloning and characterization of the mouse Kin17 gene coding for a Zn-finger protein that preferentially recognizes Bent DNA" GENOMICS, vol. 38, no. 2, 1 décembre 1996, pages 238-242, XP002099853 voir le document en entier	1,6-14
T	P. KANNOUCHE ET AL: "The nuclear concentration of Kin17, a mouse protein that binds to curved DNA, increases during cell proliferation and after UV irradiation" CARCINOGENESIS, vol. 19, no. 5, mai 1998, pages 781-789, XP002076399	

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/FR 98/02667

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
FR 2706487	A	23-12-1994	NONE

24°) Utilisation selon la revendication 23, pour la préparation d'un médicament inhibant la prolifération cellulaire, notamment destiné au traitement des maladies dans lesquelles on observe une hyperprolifération cellulaire.

25°) Utilisation d'une protéine kin17 de mammifère ou d'un
5 fragment de protéine selon l'une quelconque des revendications 21 et 22, pour la préparation d'un médicament contrôlant la fertilité.

26°) Utilisation selon l'une quelconque des revendications 23 à 25, caractérisée en ce que ladite séquence est sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:22, 23, 25, 26, 35 et 36.

10 27°) Vecteur d'expression, caractérisé en ce qu'il inclut une séquence codant pour une protéine kin17 de mammifère ou un fragment de celle-ci sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:1, 2, 3, 33 et 34.

28°) Vecteur d'expression selon la revendication 27, caractérisé en ce que ladite séquence codant pour ladite protéine kin17 ou ledit fragment de celle-ci
15 est fusionnée avec un gène qui code pour une protéine fluorescente.

29°) Utilisation d'un vecteur d'expression incluant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:1, 2, 3, 24, 33 et 34, pour la préparation d'un médicament contrôlant la prolifération cellulaire.

30°) Utilisation d'un vecteur d'expression incluant une séquence
20 sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:1, 2, 3, 24, 33 et 34, comme outil de détection, notamment pour visualiser les sites et la progression de la réparation de l'ADN et les centres de biosynthèse intranucléaire.

31°) Utilisation du fragment compris entre les aminoacides 55-235, de préférence le fragment compris entre les aminoacides 129 et 228 d'une protéine
25 kin17 de mammifère pour la régulation de l'interaction protéine-ADN courbe.

32°) Réactifs de détection d'une séquence nucléique codant pour une protéine kin17 de mammifère ou un fragment modifié de ces séquences, caractérisés en ce qu'ils incluent les séquences SEQ ID NO:4-21, 33 et 34 ainsi que les fragments A de 453 pb, B de 1265 pb et C de 224 pb, éventuellement marqués.

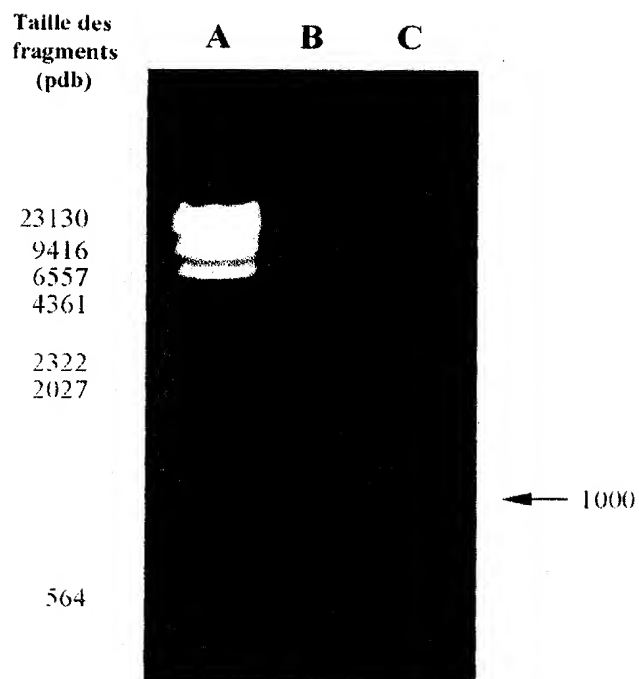


FIGURE 1

FIGURE 2A

3/28

hsKin17-nmKin17	16	10	1997	15	59		10	20	30	40	50	60	70	80	90	100
hsKin17.seq						TGATTTCGAGC										
nmKin17.seq						GGGTACCCG										
						GGGATCCGAT										
						TAGAAAGTGA										
						TCGCTGCCGT										
						GGGAAGTCGG										
						ATTTCTTTAC										
						ATCGCCAACA										
						ATG										
						GGCAAGTCGG										
						ATTTCTTGAG										
						CCCCAAGGCC										
						ATCGCCAATA										
						GGATCAAGTC										
						CAAGGGCTG										
						CAGAAGCTAC										
						GCTGGTATTG										
						CCAGATGTGC										
						CAGAAGCAGT										
						CCCCGGGACGA										
						GAATGGCTTT										
						AAGTGTCACT										
						GTATGTCTGA										
						GAATTTAAGTC										
						CAAAGGCTC										
						CAGAAGCTTC										
						GCTGGTACTG										
						CCAGATGTGC										
						CAAAAGCAAT										
						CCCCGGGACGA										
						GAATGGCTTT										
						AAGTGTCACT										
						GTATGTCTGA										
						ATCTCATCAG										
						AGACAACATAT										
						TGCTGGCTTC										
						AGAAAATCCT										
						CAGCAGTTTA										
						TGGATTATTT										
						TTCAGAGGAA										
						TTCGGAATG										
						ACTTTCTAGA										
						ACTTCTCAGG										
						ATCTCATCAA										
						AGACAACCTG										
						TGCTGGCTTC										
						AGAAAACCCCT										
						CAGCAGTTTA										
						TGGATTATTT										
						TTCAGAGGAA										
						TTCGGAATG										
						ACTTTCTGGA										
						ACTTCTGAGG										
						AGACGCTTTG										
						GCACTAAAG										
						GGTCCACAAC										
						AACATTTGCT										
						ACAACGAATA										
						CATCAGCCAC										
						CGAGAGCACA										
						TCCACATGAA										
						CGTACCCAG										
						TGGGAGACAC										
						CGACGCTTTG										
						GCACTAAAG										
						GGTCCACRAC										
						AACATTGTCT										
						ACAATGAATA										
						CATCAGCCAC										
						CGAGAGCACA										
						TCCACATGAA										
						CGTACCCAG										
						TGGGAGACAC										
						TGACTGATTT										
						TACTAAGTGG										
						CTGGGCAGAG										
						AAGGCTTGIG										
						CAAAGTGGAC										
						GAGACACCAA										
						AAGGCTGGTA										
						TATTTCAGTAC										
						ATAGACAGGG										
						ACCCAGAAAC										
						TGACCGACTT										
						TACCAAGTGG										
						CTGGGCAGAG										
						AGGCTTGIG										
						TAAAGTGGAT										
						GAGACACCGA										
						AAGGCTGGTA										
						CAITCAGTAC										
						ATAGACAGAG										
						ACCCAGAAAC										

FIGURE 2B

4/28

hKin17.seq	510	520	530	540	550	560	570	580	590	600
	TATCGCCGG	CAACTGGAAC	TGGAGAAAA	GAAAAAGCAG	GACCTTGATG	ATGAAGAAAA	AACTGCCAAA	TTTATTTGAAG	AGCAAGTGAG	AAGAGGCCCTG
nmKin17.seq	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
hKin17.seq	610	620	630	640	650	660	670	680	690	700
	CATCGTCCG	CAACTGGAAT	TAGAAAAAA	GAAGAAGCAA	GATCTGGACG	ATGAAGAAAA	AACTGCCAAG	TTCAATTGAGG	AGCAGGTGAG	AAGAGGCCCTG
nmKin17.seq	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
hKin17.seq	710	720	730	740	750	760	770	780	790	800
	GAAGGGAAG	AACAGGAGGT	CCCTACTTTT	ACGGAATPAA	GCAGAGAAAA	TGATGAAGAG	AAAGTCACGT	TTAATTTGAG	TAAAGGAGCA	TGTAGCTCAT
nmKin17.seq	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
hKin17.seq	710	720	730	740	750	760	770	780	790	800
	GAAGGGAAG	AGCAGGAGAC	ACCTGTTTTT	ACAGAACTTA	GCCGAGAAAA	TGAGGAAGAA	AAAGTTACGT	TCAATCTGAA	TAAAGGAGCG	GGTGGCTCAG
nmKin17.seq	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
hKin17.seq	710	720	730	740	750	760	770	780	790	800
	CCGGAGCAAC	ATCTTCCAAG	TCAAGTACTC	TGGGACCCAG	TGCACITGAAG	ACGATAGGAA	GTTCAGCATC	AGTGAAAACGA	AAAGAAATCTT	CCCAGAGCTC
nmKin17.seq	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
hKin17.seq	710	720	730	740	750	760	770	780	790	800
	CGGGAGCTAC	AACATCCAAG	TCAAGCTCTT	TGGGACCAAG	TGCACITGAAG	CTGCTGGGGA	GCCGAGCATC	CCGGAACCGG	AAAGAGTCTT	CACAGAGCTC
nmKin17.seq	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*

FIGURE 2B (suite)

hsKin17-mmKin17	16	10	1997	15	59	810	820	830	840	850	860	870	880	890	900
hsKin17.seq	AACTCAGTCT	AAAGAAAGA	AGAAAAGA	ATTCGACTG	GATGAATCA	TGGAGATTG	AGAGAAAG	AAAGAAAG	CCGAAACAG	CTACTGGCTA					
mmKin17.seq	CGCCCGCCT	GC	GA	AGAGAAGA	GTCGCCCTG	GATGAGATCA	TGGAGCTCG	AGAGGAAAG	AAAGGACCG	CACGACAGA	CGCCTGGTTA				
hsKin17.seq	CAGCCTGAAA	TTATTTGTA	AATTTAACC	AGAAACTGG	GAGAGAAATA	TCATAAGAA	AAAGGCTATT	GTAAAGGAAG	TAATTGACAA	ATATACAGCT					
mmKin17.seq	CAGCCGGGA	TCGTTGTGA	AATTTAAGC	AGAAAGCTTG	GGGAGAAATA	TCACAAGAAG	AAAGGGG	TC	GTAAAGGAAG	TGATTGACAG	GTACACAGCT				
hsKin17.seq		1010	1020	1030	1040	1050	1060	1070	1080	1090	1100				
mmKin17.seq	GTGTGAAGA	TGATTGATTC	TGGAGACAG	CTGAAACTTG	ACCAGACTCA	TTTAGAGACA	GTAATTCAG	CACGAGGAA	AGAAATCTA	GTTTTAAATG					
hsKin17.seq	GTGGTAAAGA	TGACTGACTC	TGGAGACAGG	CTGAAACTGG	ACCAGACTCA	TTTAGAGACA	GTCATTCGG	CCCCGGGGA	AAGGTTCTA	GTTTTAAATG					
mmKin17.seq		1110	1120	1130	1140	1150	1160	1170	1180	1190	1200				
hsKin17.seq	GAGGTACAG	AGGAATGAA	GGTACCCTAG	AATCCATCAA	TGAGAGACT	TTTTGAGCTA	CTATCGTCA	TGAACTGGC	CCTTTAAAG	GACGCAGAGT					
mmKin17.seq	GAGGTACAG	AGGAATGAA	GGCACTCTCG	AATCCATCAA	TGAGAGAGCT	TTTTGAGCTA	CGATAGTCA	TGAACTGGA	CCTTTGAAAG	GACGCAGAGT					
hsKin17.seq	TGAAGGAATT	CAATATGAAG	ACATTTCTAA	ACTTGCCCTGA	GTTTGAAAAT	TTGTTAACA	TACCTTTAAA	ATCT	TAAAG	CATCAAAATG	GTGTTCCG				
mmKin17.seq	TGAAGGTATT	CAATATGAAG	ACATATCTAA	ACFTGCTTGA	GTTTGAAAAT	TTGATAACA	CACA	TTGAA	A	CTGTGAAG	CATCAAAATG	GTGTTAGCCA			
hsKin17.seq	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
mmKin17.seq	AGGCACTGTG	TAACTCTACT	GTGTTAGGG	ATTGTTTGTG	TATTTAAAA	AAAAAATCA	TCTATTTRA	TACTAGTGAA	TAGTTGGCTA	AATTTATAAT					
hsKin17.seq	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
mmKin17.seq	AAATCTATG	TTTTTTTAA	GCTTAAAAA	AAAAAATAA	AAAAAATAA	AAAAAATAA	AAAAAATAA	AAAAAATAA	AAAAAATAA	AAAAAATAA					

FIGURE 2B (suite)

6/28

A

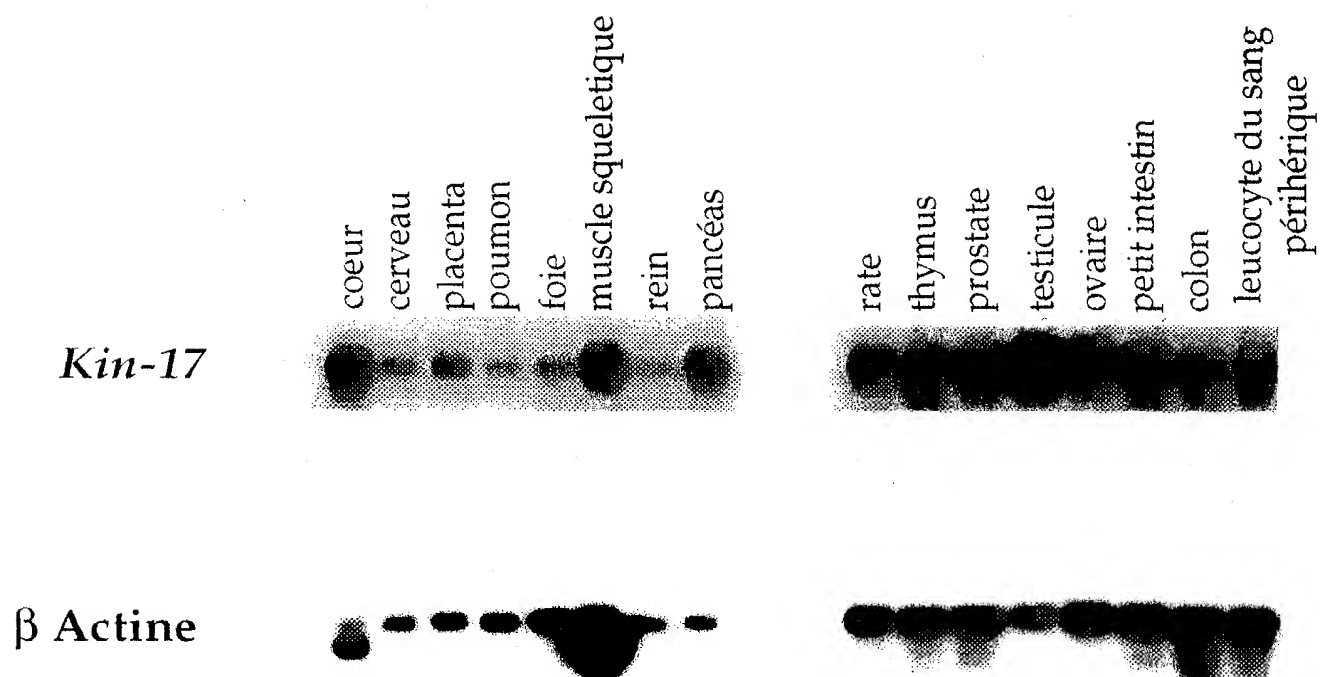


FIGURE 3A

7/28

B

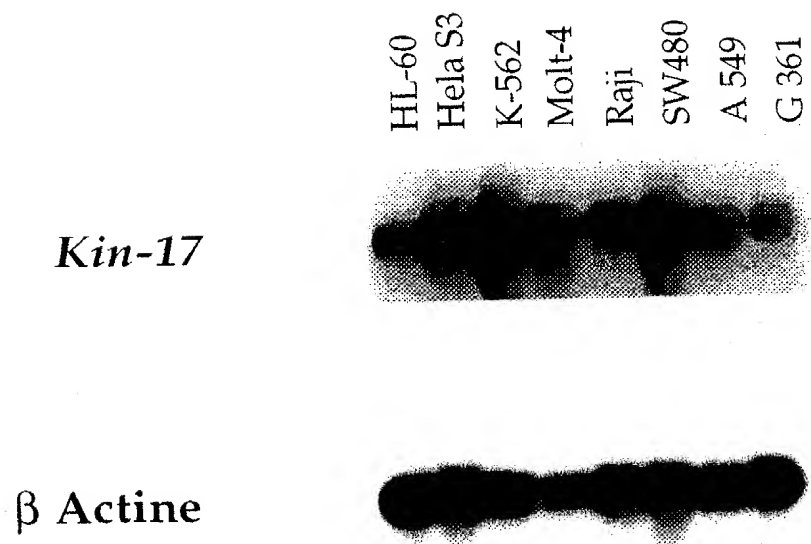


FIGURE 3B

8/28



FIGURE 4A

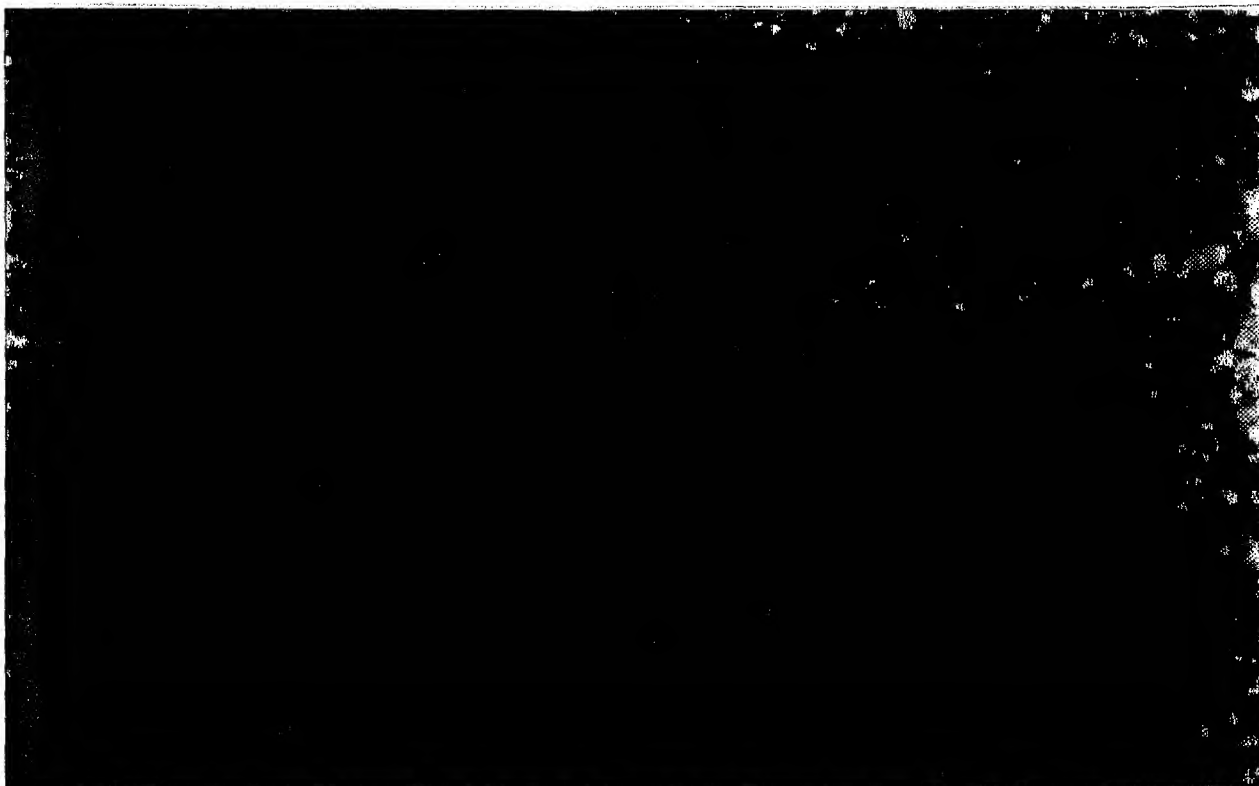


FIGURE 4B

10 / 28

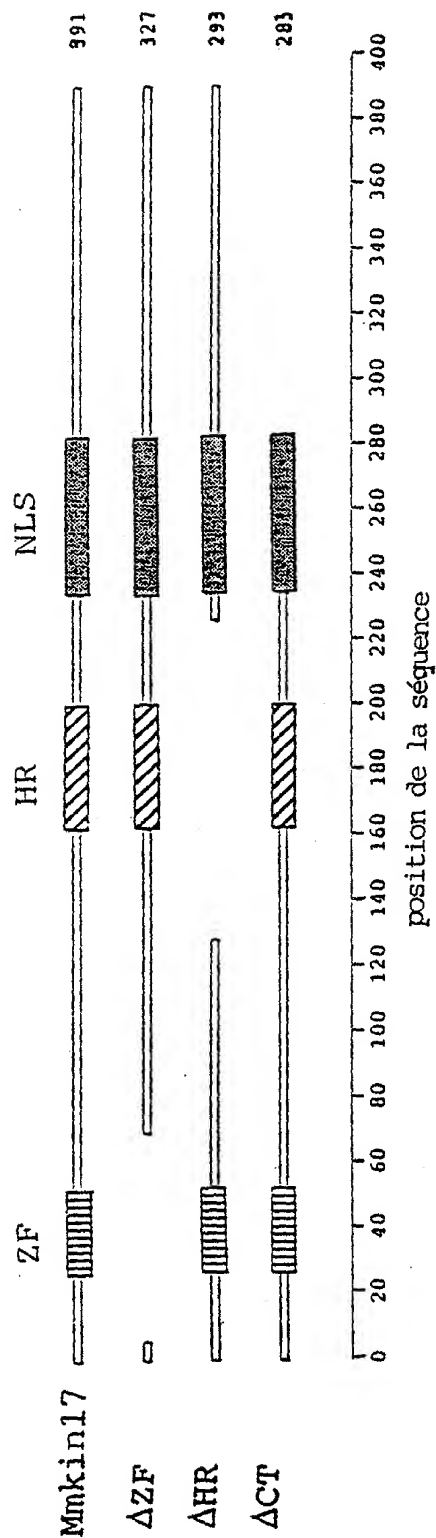


FIGURE 5

11/28

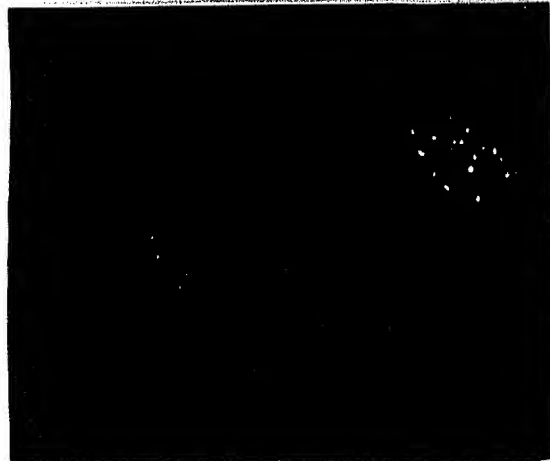


FIGURE 6A

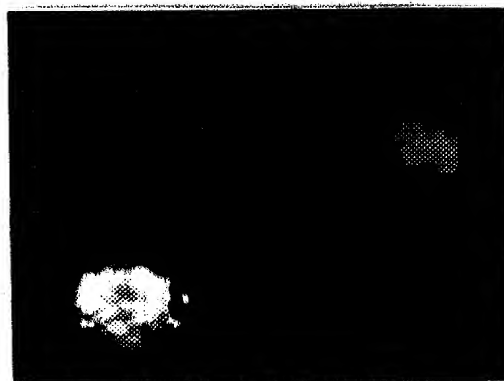


FIGURE 6B

FIGURE 7B

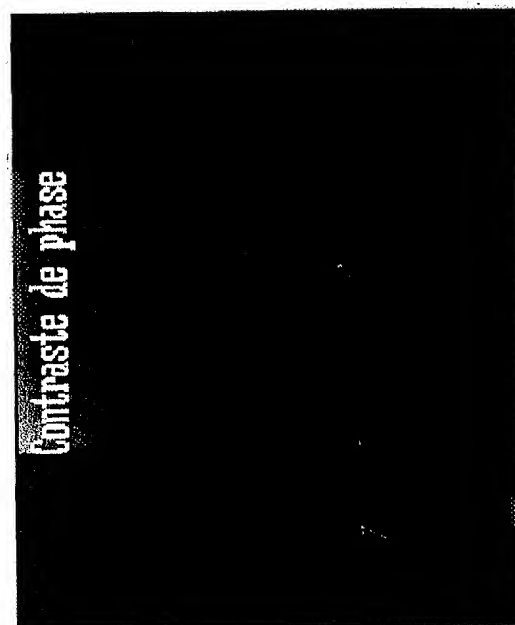
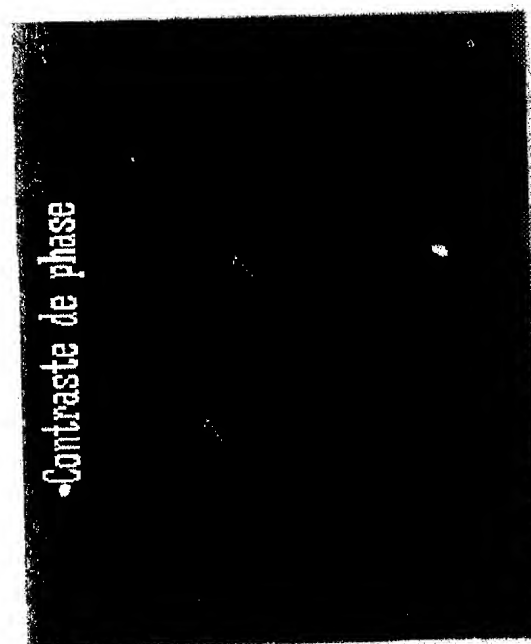


FIGURE 7A



pAbanti-RecA

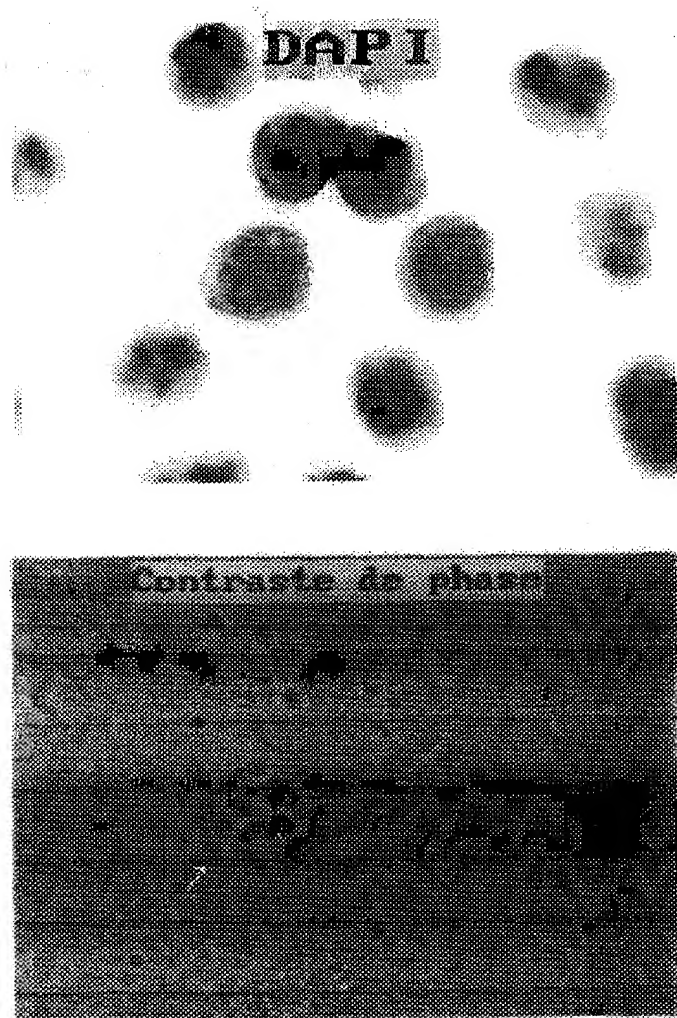


FIGURE 8A

14/28

pAb2864

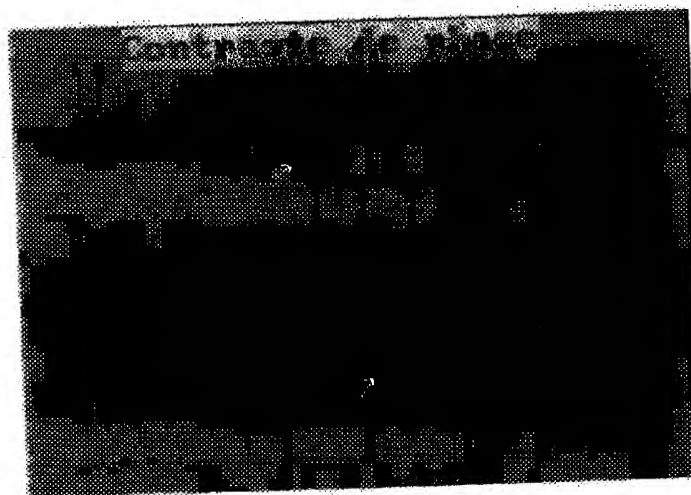
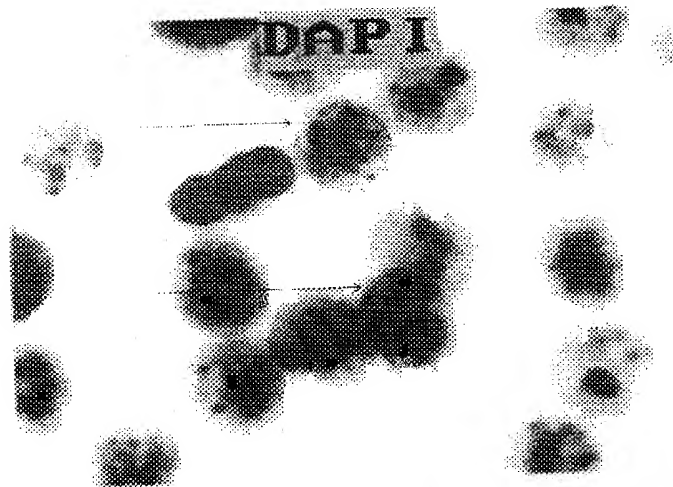
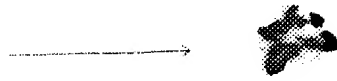


FIGURE 8B

15/28

Abanti des

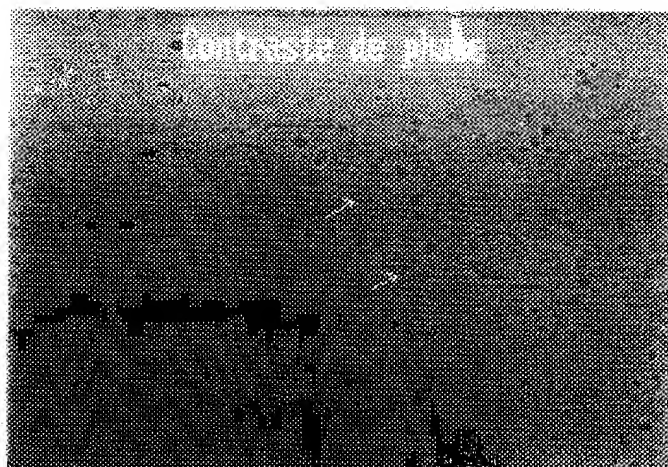


FIGURE 9

16/28

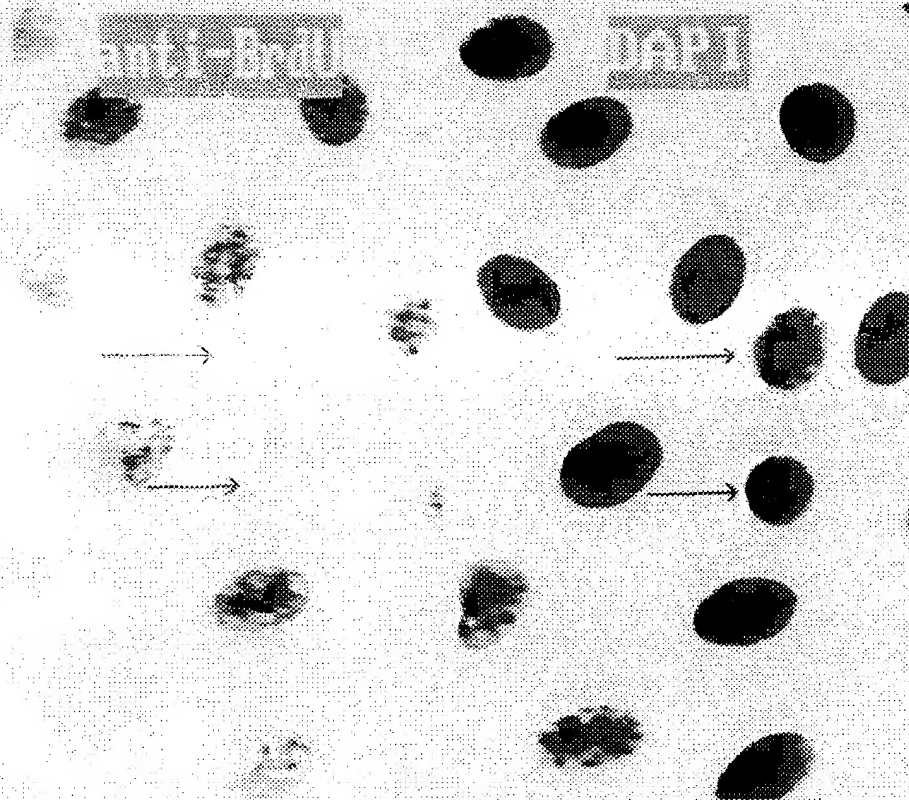


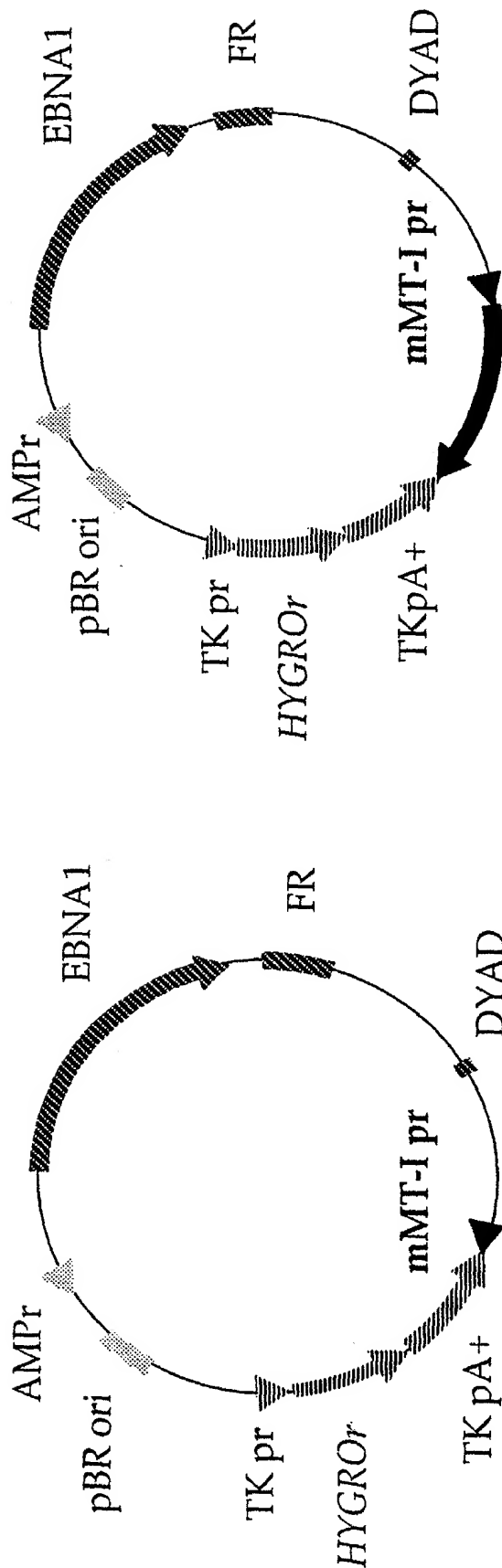
FIGURE 10A

17/28

Protéine exprimée	néant	kin17		kinΔHR	kinΔCT
		Faible taux	Fort taux		
% de cellules répliquant leur ADN	40	40	0	0	33

FIGURE 10 B

18/28



*Mm*Kin-17
pEBVMT_{Mm}Kin17 (pB223)
(10271 bp)

FIGURE 11B

pEBVMTΔ (pB220)
(8824 bp)

FIGURE 11A

19/28

FIGURE 12A

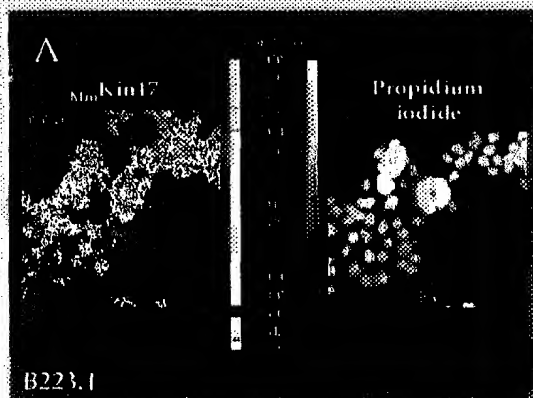


FIGURE 12B

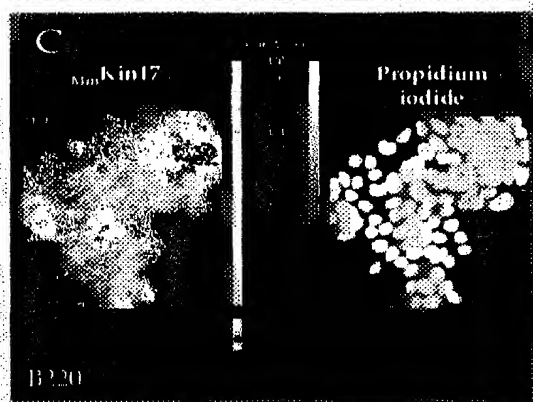
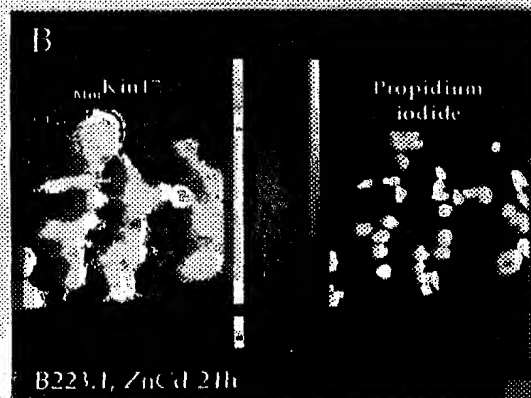


FIGURE 12C

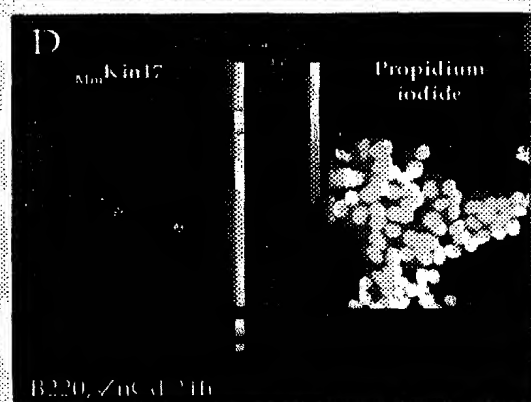


FIGURE 12D

20/28

A

B223.1

x100

FIGURE 13A

B

B223.1, ZnCd 24h

x100

FIGURE 13B

21/28

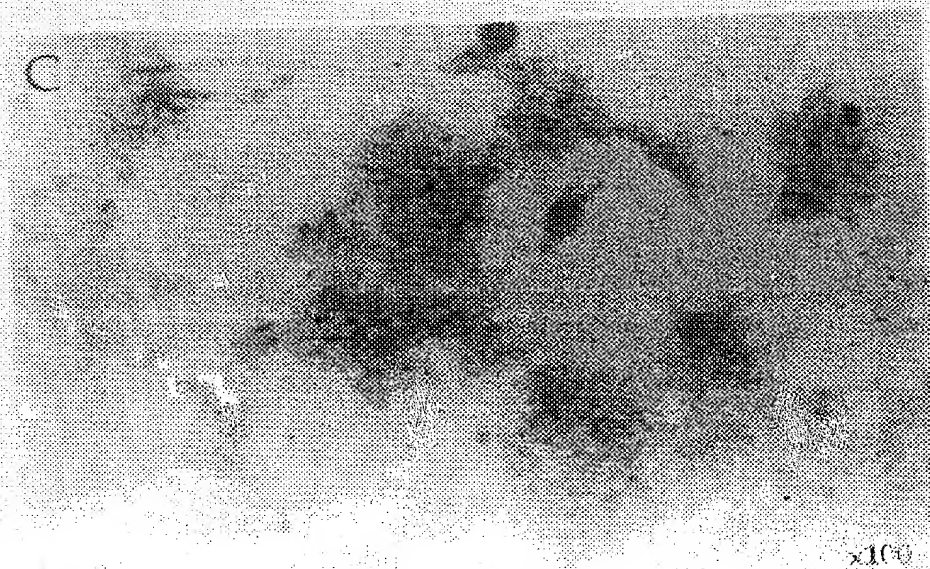


FIGURE 13C

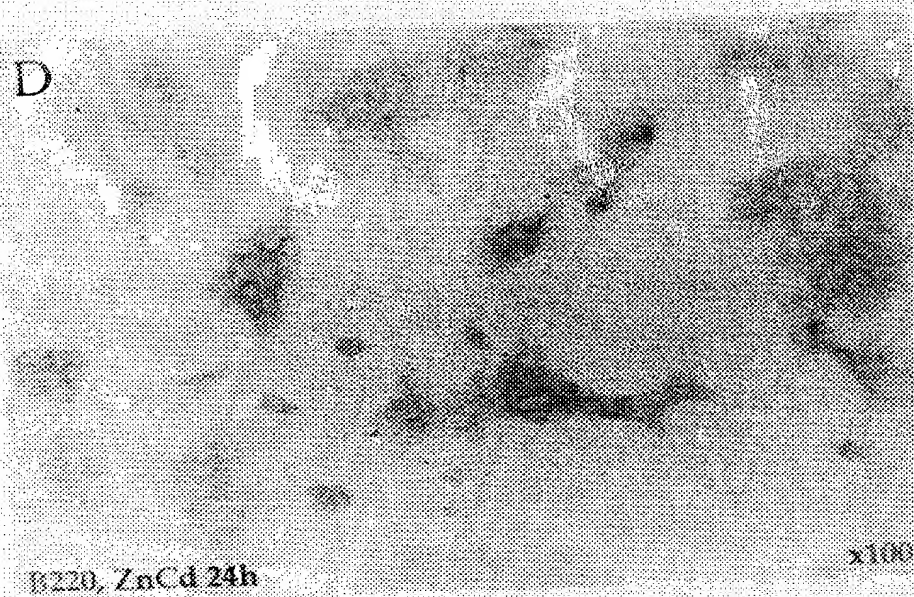


FIGURE 13D

22 / 28

FIGURE 14B



x1000

x1260

FIGURE 14D



FIGURE 14A



A

B

x504



C

D

x1000

FIGURE 14C

23/28

x1260



FIGURE 14F

[2]

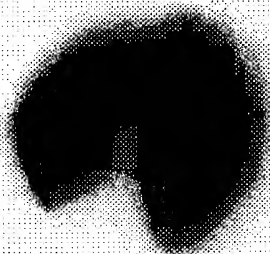


FIGURE 14E

x2000

[2]

24 / 28

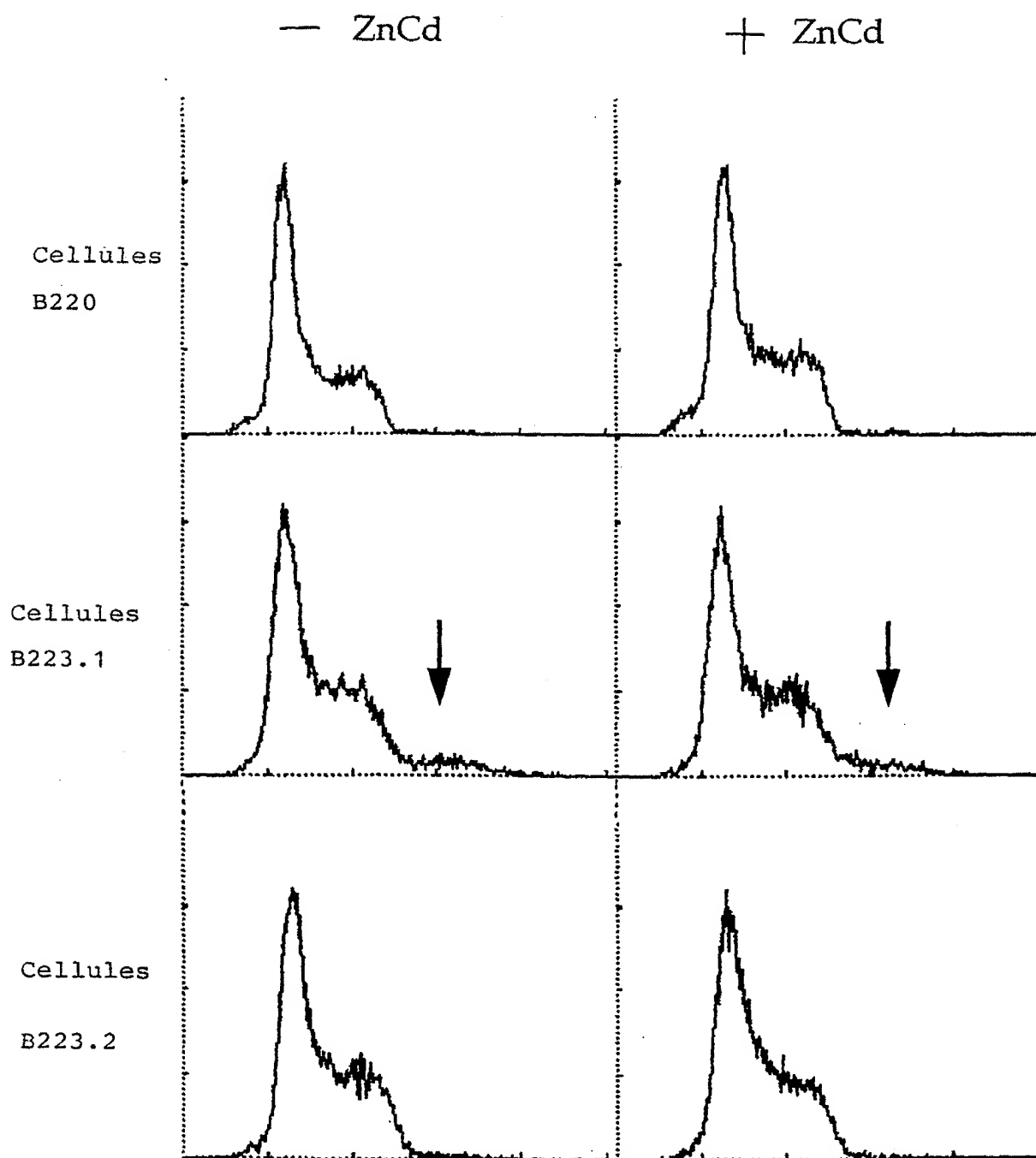
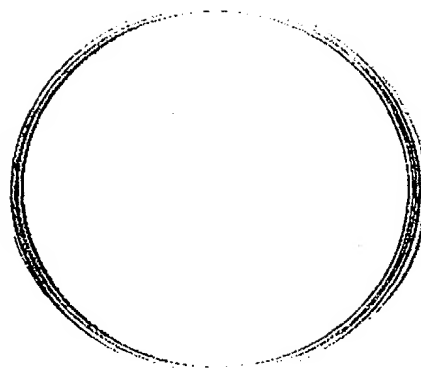
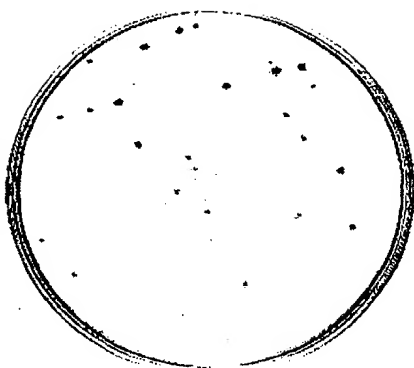
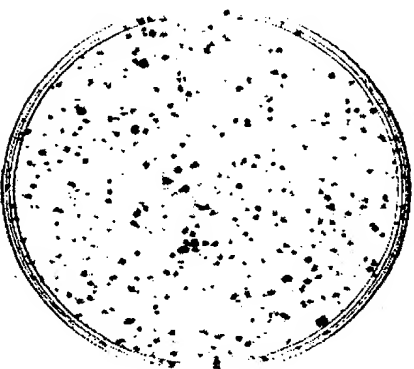


FIGURE 15

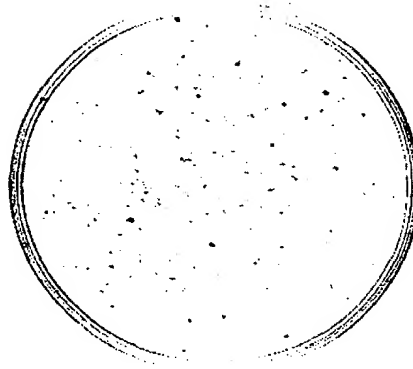
10^1 cellules/cm²



10^2 cellules/cm²



B220



B223.2

10^3 cellules/cm²

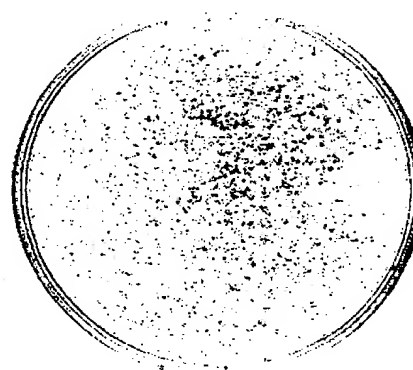
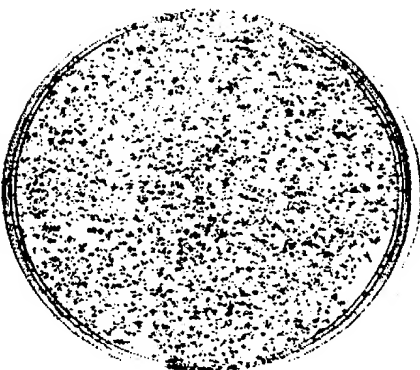


FIGURE 16

26 / 28

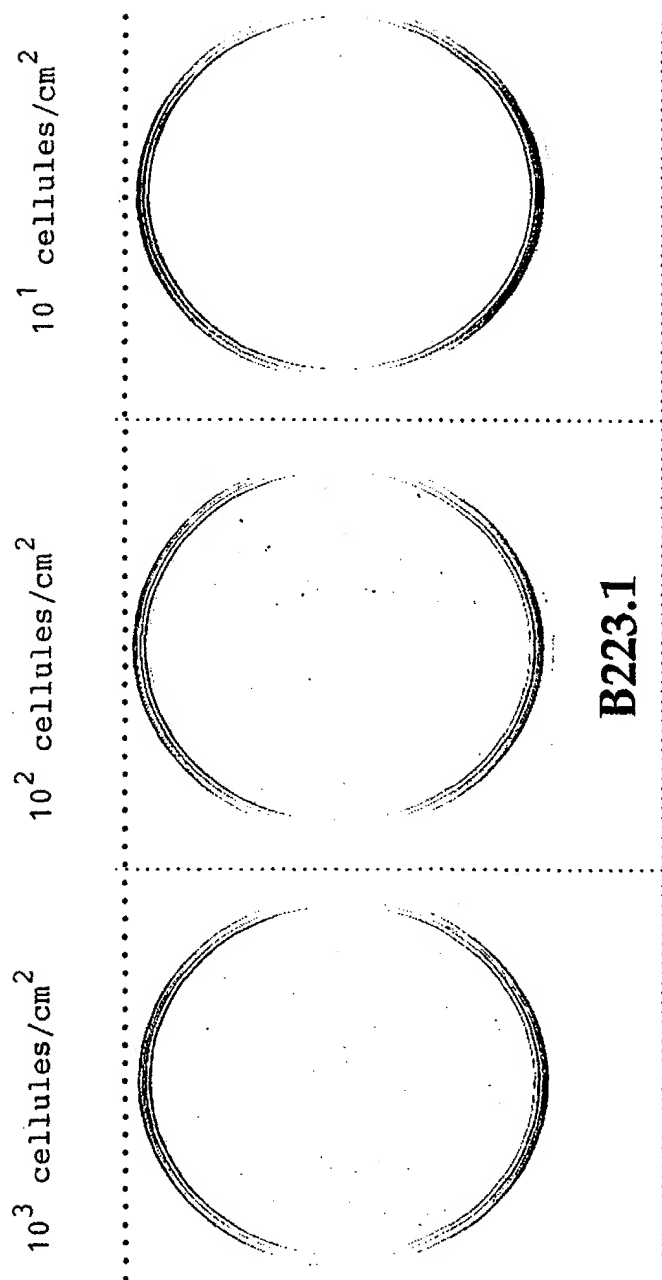


FIGURE 16 (suite)

FIGURE 17A

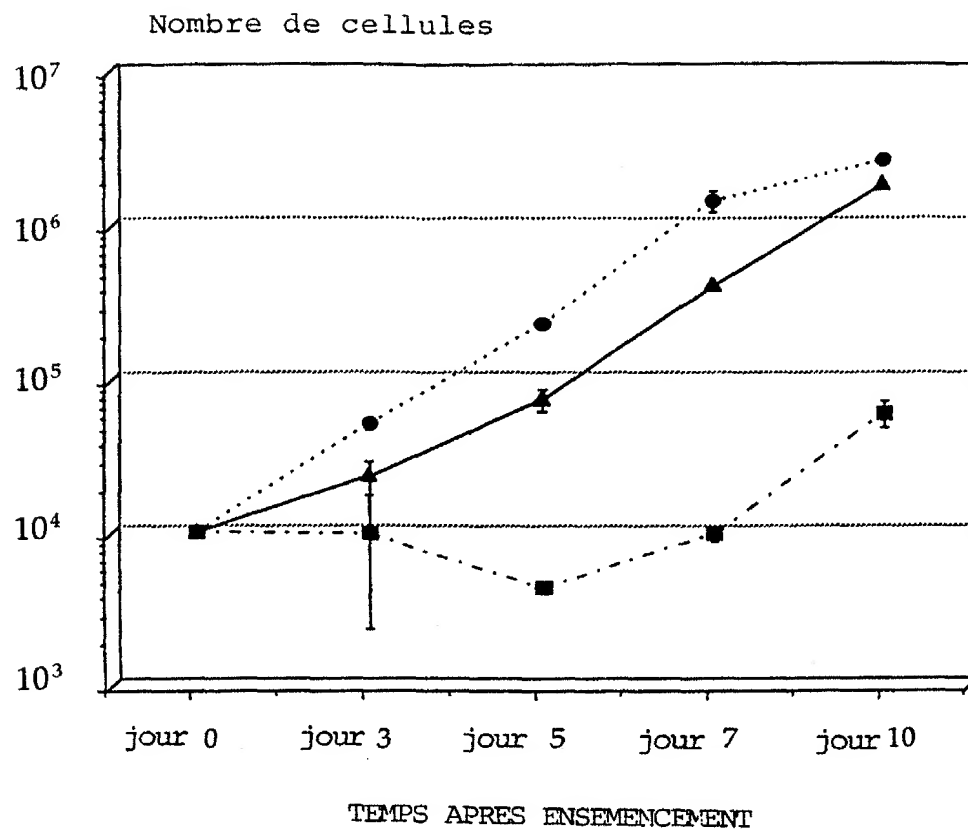
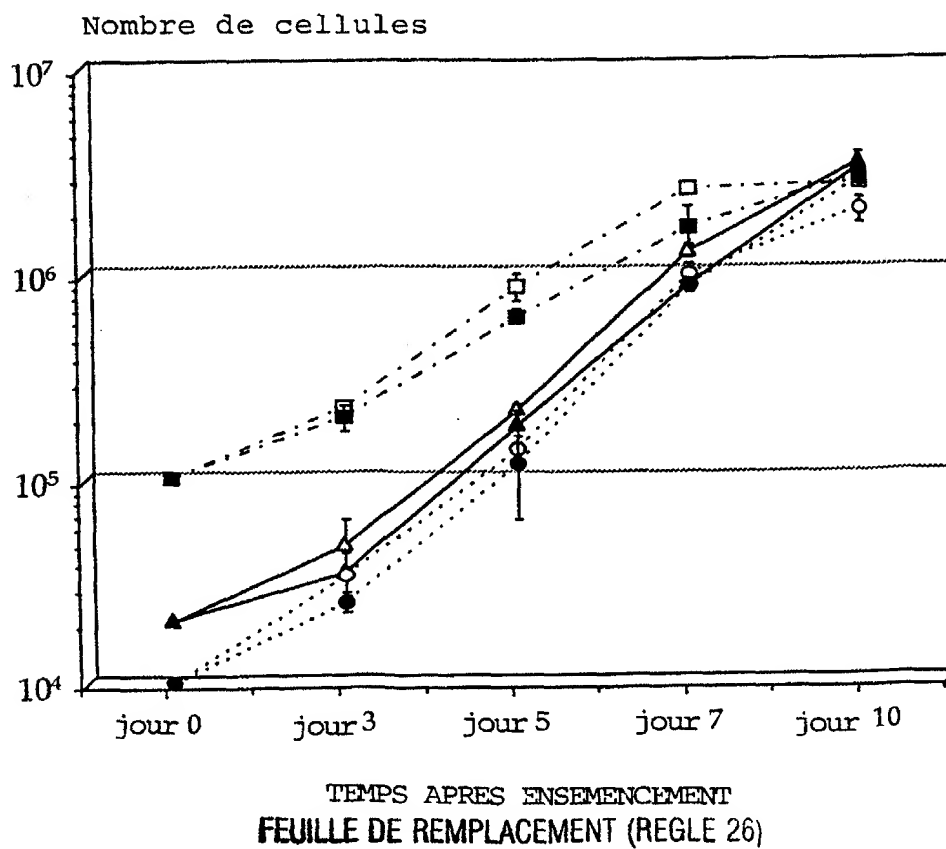
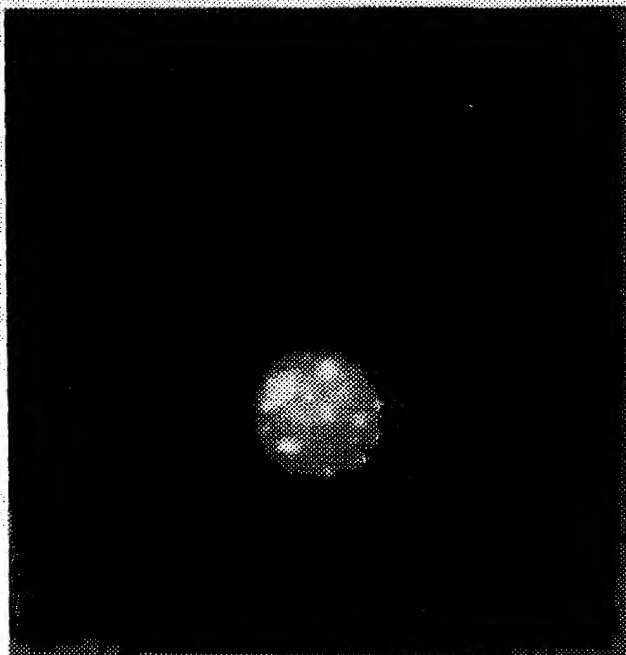


FIGURE 17B

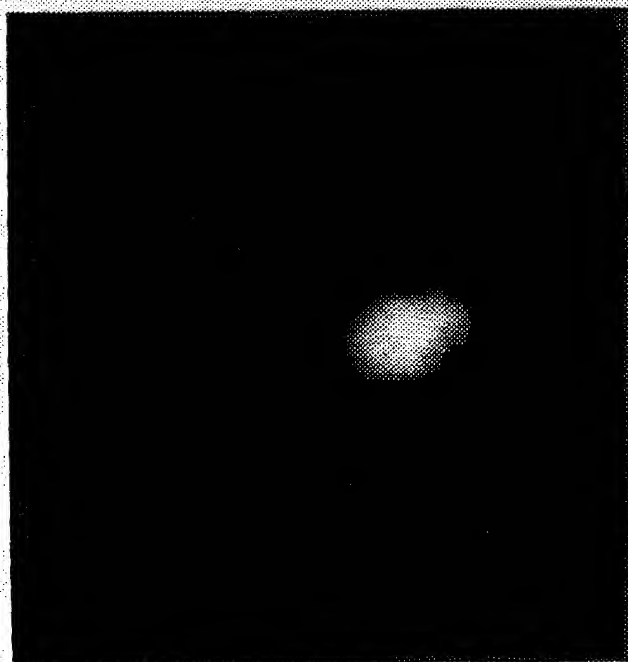


28 / 28



GFPkin17SLN-CT

FIGURE 18B



GFPkin17DCT

FIGURE 18A

LISTAGE DE SEQUENCE

<110> KANNOUCHE, Patricia
 MAUFFREY, Philippe
 PINON-LATAILLADE, Ghislaine
 BIARD, Denis
 ANGULO-MORA, Jaime Francisco
 COMMISSARAIT A L'ENERGIE ATOMIQUE

<120> SEQUENCES CODANT POUR UNE PROTEINE kin17 ET LEURS
 APPLICATIONS

<130> BLOcp263/35P

<140>

<141>

<150> 97 15536

<151> 1997-12-09

<160> 36

<170> PatentIn Vers. 2.0

<210> 1

<211> 1528

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 1

```

ctagaattca gcggccgctg aattctagaa ctgggggtcca gaaagtgatc gctgcccgtgg 60
tcgccatggg gaagtcggat tttcttactc ccaaggctat cgccaacagg atcaagtcca 120
aggggctgca gaagctacgc tgggtattgcc agatgtgcc gaagcagtgc cgggacgaga 180
atggctttta gtgtcattgt atgtccgaat ctcatcagag acaactattg ctggcttcag 240
aaaatcctca gcagtttatg gattattttt cagaggaatt ccgaaatgac tttctagaac 300
ttctcaggag acgctttggc actaaaaggg tccacaacaa cattgtctac aacgaatata 360
tcagccaccg agagcacatc cacatgaatg ccactcagtg ggaaactctg actgatttta 420
ctaagtggct gggcagagaa ggcttgtgca aagtggacga gacacaaaaa ggctgggtata 480
ttcagtagat agacagggac ccagaaacta tccgcgggca actggaactg gagaaaaaga 540
aaaagcagga ccttgatgat gaagaaaaaa ctgccaaatt tattgaagag caagtgagaa 600
gaggcctgga aggggaaggaa caggaggtcc ctacttttac ggaattaagc agagaaaatg 660
atgaagagaa agtcacgttt aatttgagta aaggagcatg tagctcatcc ggagcaacat 720
cttccaagtc aagtactctg ggaccgagtg cactgaagac gataggaagt tcagcatcag 780
tgaaacgaaa agaattcttc cagagctcaa ctcagtctaa agaaaagaag aaaaagaaat 840
ctgcactgga tgaaatcatg gagattgaag aggaaaagaa aagaactgcc cgaacagact 900
actggctaca gcctgaaatt attgtgaaaa ttataaccaa gaaactggga gagaaatatc 960
ataagaaaaa ggctattgtt aaggaaagtaa ttgacaaata tacagctgtt gtgaagatga 1020
ttgattctgg agacaagctg aaacttgacc agactcattt agagacagta attccagcac 1080
caggaaaaag aattctagtt ttaaatggag gctacagagg aaatgaaggt accctagaat 1140
ccatcaatga gaagactttt tcagctacta tcgtcattga aactggccct ttaaaaggac 1200
gcagagttga aggaattcaa tatgaagaca tttctaaact tgccctgagtt tgaaaaattg 1260
ttaacaatac attaaaatct taaagcatca aattgggtgt cgccaaggca ttatgagact 1320
ctactgtgtt agggatatatt cttttgtata aaacaaacag gtttttgaaa atattactgt 1380
atagttgttc agctaaactt tgagaagaat ttaattatgt ctcatgaggt atcaaactat 1440
gtaattttgt ccttgttatt tttgtttcct ttgtaattta cttgatgagt ttatatcttc 1500

```

attaaagaat gttattataa aaaaaaaa

1528

<210> 2

<211> 1102

<212> ADN

<213> Mus sp.

<400> 2

```
atgggcaagt cggattttct gagccccaag gccatcgcca atagaattaa gtccaaaggg 60
ctccagaagc ttcgctggta ctgccagatg tgccaaaagc aatgccgcga cgagaatggc 120
tttaagtgtc actgtatgtc tgaatctcat caaagacaac tgttgctggc ttcagaaaac 180
cctcagcagt ttatggatta tttttcagag gaattccgaa atgactttct ggaacttctg 240
aggcgacgct ttggcactaa aagggtccac aacaacattg tctacaatga atacatcagc 300
caccgagagc acatccacat gaacgctacc cagtgggaga cactgaccga ctttaccaag 360
tggctgggca gagagggcct gtgtaaaggt accagtgcac tgaagctgct ggggagcgca 420
gcctccggga aacggaaaga gtcttcacag agctccgcc agcctgcgaa gaagaagaag 480
tcggccctgg atgagatcat ggagctcgaa gaggaaaaga aaaggaccgc acggacagac 540
gcctgggttac agccggggat cgttgtgaaa attataacga agaagcttgg ggagaaatat 600
cacaagaaga aaggggtcgt taaggaagtg attgacaggt acacagctgt ggtaaagatg 660
actgactctg gagacaggct gaaactggac cagactcatt tagagacagt cattccggcc 720
ccggggaaaaa ggggttctagt tttaaatgga ggctacagag gaaatgaagg cactctcgaa 780
tccatcaatg agaaggcttt ttcagccacg atagtcatg aaactggacc tttgaaagga 840
cgcagagtgt aaggtattca atatgaagac atatctaaac ttgcttgagt ttgaaaattt 900
gataacaaca cattgaaact gtgaagcatc aaattgggtg tagccaaggc actgtgtaac 960
tctactgtgt taggggattt gttttgtatt aaaaaaaaaa aaatcatcta tttaaatact 1020
agtgaatagt tgggtaaatt tataataaaa tctatgtttt ttttaagtgt aaaaaaaaaa 1080
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1102
```

<210> 3

<211> 1002

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 3

```
tgattcgagc tcggtaccgg gggatccgat tagaaagtga tcgctgccgt ggtcgccatg 60
gggaagtcgg attttcttac tccaaggct atcgccaaca ggatcaagtc caaggggctg 120
cagaagctac gctggtattg ccagatgtgc cagaagcagt gccgggacga gaatggcttt 180
aagtgtcatt gtatgtccga atctcatcag agacaactat tgctggcttc agaaaatcct 240
cagcagttta tggattatth ttcagaggaa ttccgaaatg actttctaga acttctcagg 300
agacgctttg gcactaaaag ggtccacaac aacattgtct acaacgaata catcagccac 360
cgagagcaca tccacatgaa tgccactcag tgggaaactc tgactgattt tactaagtgg 420
ctgggcagag aaggcttgtg caaaagtgc ctgaagacga taggaagtgc agcatcagtg 480
aaacgaaaag aatcttccca gagctcaact cagtctaaag aaaagaagaa aaagaaatct 540
gcactggatg aaatcatgga gattgaagag gaaaagaaaa gaactgcccg aacagactac 600
tggctacagc ctgaaattat tgtgaaaatt ataaccaaga aactgggaga gaaatatcat 660
aagaaaaagg ctattgttaa ggaagtaatt gacaaatata cagctgttgt gaagatgatt 720
gattctggag acaagctgaa acttgaccag actcatttag agacagtaat tccagcacca 780
ggaaaaagaa ttctagttht aaatggaggc tacagaggaa atgaaggtag cctagaatcc 840
atcaatgaga agactttttc agctactatc gtcattgaaa ctggcccttt aaaaggacgc 900
agagttgaag gaattcaata tgaagacatt tctaaacttg cctgagtttg aaaatttggt 960
aacaatacct ttaaaatctt aaagcatcaa attgggtgtc gc 1002
```

<210> 4
 <211> 1002
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 4
 tcagagacaa ctattgctgg cttcagaaaa tcctcagcag tttatggatt atttttcaga 60
 ggaattccga aatgactttc tagaacttct caggagacgc tttggcacta aaaggggtcca 120
 caacaacatt gtctacaacg aatacatcag ccaccgagag cacatccaca tgaatgccac 180
 tcagtgggaa actctgactg attttactaa gtggctgggc agagaaggct tgtgcaaagt 240
 ggacgagaca ccaaaaggct ggtatattca gtacatagac agggacccag aaactatccg 300
 ccggcaactg gaactggaga aaaagaaaaa gcaggacctt gatgatgaag aaaaaactgc 360
 caaatatttatt gaagagcaag tgagaagagg cctggaaggg aaggaacagg aggtccctac 420
 ttttacggaa ttaagcagag aaaatgatga agagaaagtc acgtttaatt tgagtaaagg 480
 agcatgtagc tcattccggag caacatcttc caagtcaagt actctgggac cgagtgcact 540
 gaagacgata ggaagttcag catcagtga acgaaaagaa tcttcccaga gctcaactca 600
 gtctaaagaa aagaagaaaa agaaatctgc actggatgaa atcatggaga ttgaagagga 660
 aaagaaaaga actgcccga cagactactg gctacagcct gaaattattg tgaaaattat 720
 aaccaagaaa ctgggagaga aatatcataa gaaaaaggct attgttaagg aagtaattga 780
 caaatataca gctgtttgtga agatgattga ttctggagac aagctgaaac ttgaccagac 840
 tcatttagag acagtaattc cagcaccagg aaaaagaatt ctagttttta atggaggcta 900
 cagaggaaat gaaggtaccc tagaatccat caatgagaag actttttcag ctactatcgt 960
 cattgaaact ggccctttta aaggacgcag agttgaagga at 1002

<210> 5
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 5
 ctcaggagac gctttggcac ta 22

<210> 6
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 6
 cctgggtgctg gaattactgt ct 22

<210> 7
 <211> 21
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 7
 tcttttcggtt tcaactgatgc t 21

<210> 8
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 8
 gggagagaaa tatcataaga aaaa 24

<210> 9
<211> 22
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 9
tccctctgta gccctcccat tt

22

<210> 10
<211> 22
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 10
ttttcagcta ctatcgttca tt

22

<210> 11
<211> 22
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 11
cgagtgcact gaagacgata gg

22

<210> 12
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 12
attctttttcg ttctactgat

20

<210> 13
<211> 26
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 13
ggcaatacca gcgtagcttc tgcagc

26

<210> 14
<211> 25
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 14
ctctgatgag attcggacat acaat

25

<210> 15
<211> 21
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 15
tctcctgaga agttctagaa a 21

<210> 16
<211> 40
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 16
actgccaaat ttattgaaga gcaagtgaga agaggcctgg 40

<210> 17
<211> 40
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 17
ccaggcctct tctcacttgc tcttcaataa atttggcagt 40

<210> 18
<211> 22
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 18
agaaagtgat cgctgccgtg gt 22

<210> 19
<211> 26
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 19
gcgaacacca atttgatgct ttaaga 26

<210> 20
<211> 21
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 20
tcagagacaa ctattgctgg c 21

<210> 21
<211> 22
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 21
attccttcaa ctctgcgtcc tt 22

<210> 22
<211> 291
<212> PRT
<213> Mus sp.

<400> 22

Met Gly Lys Ser Asp Phe Leu Ser Pro Lys Ala Ile Ala Asn Arg Ile
 1 5 10 15

Lys Ser Lys Gly Leu Gln Lys Leu Arg Trp Tyr Cys Gln Met Cys Gln
 20 25 30

Lys Gln Cys Arg Asp Glu Asn Gly Phe Lys Cys His Cys Met Ser Glu
 35 40 45

Ser His Gln Arg Gln Leu Leu Leu Ala Ser Glu Asn Pro Gln Gln Phe
 50 55 60

Met Asp Tyr Phe Ser Glu Glu Phe Arg Asn Asp Phe Leu Glu Leu Leu
 65 70 75 80

Arg Arg Arg Phe Gly Thr Lys Arg Val His Asn Asn Ile Val Tyr Asn
 85 90 95

Glu Tyr Ile Ser His Arg Glu His Ile His Met Asn Ala Thr Gln Trp
 100 105 110

Glu Thr Leu Thr Asp Phe Thr Lys Trp Leu Gly Arg Glu Gly Leu Cys
 115 120 125

Ala Leu Lys Leu Leu Gly Ser Ala Ala Ser Gly Lys Arg Lys Glu Ser
 130 135 140

Ser Gln Ser Ser Ala Gln Pro Ala Lys Lys Lys Lys Ser Ala Leu Asp
 145 150 155 160

Glu Ile Met Glu Leu Glu Glu Glu Lys Lys Arg Thr Ala Arg Thr Asp
 165 170 175

Ala Trp Leu Gln Pro Gly Ile Val Val Lys Ile Ile Thr Lys Lys Leu
 180 185 190

Gly Glu Lys Tyr His Lys Lys Lys Gly Val Val Lys Glu Val Ile Asp
 195 200 205

Arg Tyr Thr Ala Val Val Lys Met Thr Asp Ser Gly Asp Arg Leu Lys
 210 215 220

Leu Asp Gln Thr His Leu Glu Thr Val Ile Pro Ala Pro Gly Lys Arg
 225 230 235 240

Val Leu Val Leu Asn Gly Gly Tyr Arg Gly Asn Glu Gly Thr Leu Glu
 245 250 255

Ser Ile Asn Glu Lys Ala Phe Ser Ala Thr Ile Val Ile Glu Thr Gly
 260 265 270

Pro Leu Lys Gly Arg Arg Val Glu Gly Ile Gln Tyr Glu Asp Ile Ser
 275 280 285

Lys Leu Ala
290

<210> 23
<211> 293
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 23

Met Gly Lys Ser Asp Phe Leu Thr Pro Lys Ala Ile Ala Asn Arg Ile
1 5 10 15

Lys Ser Lys Gly Leu Gln Lys Leu Arg Trp Tyr Cys Gln Met Cys Gln
20 25 30

Lys Gln Cys Arg Asp Glu Asn Gly Phe Lys Cys His Cys Met Ser Glu
35 40 45

Ser His Gln Arg Gln Leu Leu Leu Ala Ser Glu Asn Pro Gln Gln Phe
50 55 60

Met Asp Tyr Phe Ser Glu Glu Phe Arg Asn Asp Phe Leu Glu Leu Leu
65 70 75 80

Arg Arg Arg Phe Gly Thr Lys Arg Val His Asn Asn Ile Val Tyr Asn
85 90 95

Glu Tyr Ile Ser His Arg Glu His Ile His Met Asn Ala Thr Gln Trp
100 105 110

Glu Thr Leu Thr Asp Phe Thr Lys Trp Leu Gly Arg Glu Gly Leu Cys
115 120 125

Ala Leu Lys Thr Ile Gly Ser Ser Ala Ser Val Lys Arg Lys Glu Ser
130 135 140

Ser Gln Ser Ser Thr Gln Ser Lys Glu Lys Lys Lys Lys Lys Ser Ala
145 150 155 160

Leu Asp Glu Ile Met Glu Ile Glu Glu Glu Lys Lys Arg Thr Ala Arg
165 170 175

Thr Asp Tyr Trp Leu Gln Pro Glu Ile Ile Val Lys Ile Ile Thr Lys
180 185 190

Lys Leu Gly Glu Lys Tyr His Lys Lys Lys Ala Ile Val Lys Glu Val
195 200 205

Ile Asp Lys Tyr Thr Ala Val Val Lys Met Ile Asp Ser Gly Asp Lys
210 215 220

Leu Lys Leu Asp Gln Thr His Leu Glu Thr Val Ile Pro Ala Pro Gly
225 230 235 240

Lys Arg Ile Leu Val Leu Asn Gly Gly Tyr Arg Gly Asn Glu Gly Thr
 245 250 255

Leu Glu Ser Ile Asn Glu Lys Thr Phe Ser Ala Thr Ile Val Ile Glu
 260 265 270

Thr Gly Pro Leu Lys Gly Arg Arg Val Glu Gly Ile Gln Tyr Glu Asp
 275 280 285

Ile Ser Lys Leu Ala
 290

<210> 24
 <211> 1390
 <212> ADN
 <213> Mus sp.

<400> 24
 atgggcaagt cggattttct gagccccaag gccatcgcca atagaattaa gtccaaaggg 60
 ctccagaagc ttcgctggta ctgccagatg tgccaaaagc aatgccgcga cgagaatggc 120
 ttttaagtgtc actgtatgtc tgaatctcat caaagacaac tgttgctggc ttcagaaaac 180
 cctcagcagt ttatggatta tttttcagag gaattccgaa atgactttct ggaacttctg 240
 aggcgacgct ttggcactaa aagggtccac aacaacattg tctacaatga atacatcagc 300
 caccgagagc acatccacat gaacgctacc cagtgggaga cactgaccga ctttaccacag 360
 tggctgggca gagagggtt gtgtaaagtg gatgagacac cgaaaggctg gtacattcag 420
 tacatagaca gagaccaga aaccatccgt cggcaactgg aattagaaaa aaagaagaag 480
 caagatctgg acgatgaaga aaaaactgcc aagttcattg aggagcaggt gagaagaggc 540
 ctggaagggg aagagcagga gacacctgtt tttacagaac ttagccgaga aaatgaggaa 600
 gaaaaagtta cgttcaatct gaataaagga gcgggtggct cagcgggagc tacaacatcc 660
 aagtcagct ctttgggacc aagtgcactg aagctgctgg ggagcgcagc atccgggaaa 720
 cggaaagagt cttcacagag ctccgccag cctgcgaaga agaagaagtc ggccctggat 780
 gagatcatgg agctcgaaga ggaaaagaaa aggaccgcac ggacagacgc ctggttacag 840
 ccggggatcg ttgtgaaaat tataacgaag aagcttgggg agaaatatca caagaagaaa 900
 ggggtcggtta aggaagtgat tgacaggtac acagctgtgg taaagatgac tgactctgga 960
 gacaggctga aactggacca gactcattta gagacagtca ttccggcccc ggggaaaagg 1020
 gttctagttt taaatggagg ctacagagga aatgaaggca ctctogaatc catcaatgag 1080
 aaggcttttt cagccacgat agtcattgaa actggacctt tgaaaggacg cagagttgaa 1140
 ggtattcaat atgaagacat atctaaactt gcttgagttt gaaaatttga taacaacaca 1200
 ttgaaactgt gaagcatcaa attggtgtta gccaaaggcac tgtgtaactc tactgtgtta 1260
 ggggatttgt tttgtattaa aaaaaaaaaa atcatctatt taaatactag tgaatagttg 1320
 ggtaaattta taataaaatc tatgtttttt ttaagtgtaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1380
 aaaaaaaaaa 1390

<210> 25
 <211> 391
 <212> PRT
 <213> Mus sp.

<400> 25
 Met Gly Lys Ser Asp Phe Leu Ser Pro Lys Ala Ile Ala Asn Arg Ile
 1 5 10 15

Lys Ser Lys Gly Leu Gln Lys Leu Arg Trp Tyr Cys Gln Met Cys Gln
 20 25 30
 Lys Gln Cys Arg Asp Glu Asn Gly Phe Lys Cys His Cys Met Ser Glu
 35 40 45
 Ser His Gln Arg Gln Leu Leu Leu Ala Ser Glu Asn Pro Gln Gln Phe
 50 55 60
 Met Asp Tyr Phe Ser Glu Glu Phe Arg Asn Asp Phe Leu Glu Leu Leu
 65 70 75 80
 Arg Arg Arg Phe Gly Thr Lys Arg Val His Asn Asn Ile Val Tyr Asn
 85 90 95
 Glu Tyr Ile Ser His Arg Glu His Ile His Met Asn Ala Thr Gln Trp
 100 105 110
 Glu Thr Leu Thr Asp Phe Thr Lys Trp Leu Gly Arg Glu Gly Leu Cys
 115 120 125
 Lys Val Asp Glu Thr Pro Lys Gly Trp Tyr Ile Gln Tyr Ile Asp Arg
 130 135 140
 Asp Pro Glu Thr Ile Arg Arg Gln Leu Glu Leu Glu Lys Lys Lys Lys
 145 150 155 160
 Gln Asp Leu Asp Asp Glu Glu Lys Thr Ala Lys Phe Ile Glu Glu Gln
 165 170 175
 Val Arg Arg Gly Leu Glu Gly Lys Glu Gln Glu Thr Pro Val Phe Thr
 180 185 190
 Glu Leu Ser Arg Glu Asn Glu Glu Glu Lys Val Thr Phe Asn Leu Asn
 195 200 205
 Lys Gly Ala Gly Gly Ser Ala Gly Ala Thr Thr Ser Lys Ser Ser Ser
 210 215 220
 Leu Gly Pro Ser Ala Leu Lys Leu Leu Gly Ser Ala Ala Ser Gly Lys
 225 230 235 240
 Arg Lys Glu Ser Ser Gln Ser Ser Ala Gln Pro Ala Lys Lys Lys Lys
 245 250 255
 Ser Ala Leu Asp Glu Ile Met Glu Leu Glu Glu Glu Lys Lys Arg Thr
 260 265 270
 Ala Arg Thr Asp Ala Trp Leu Gln Pro Gly Ile Val Val Lys Ile Ile
 275 280 285
 Thr Lys Lys Leu Gly Glu Lys Tyr His Lys Lys Lys Gly Val Val Lys
 290 295 300

Glu Val Ile Asp Arg Tyr Thr Ala Val Val Lys Met Thr Asp Ser Gly
305 310 315 320

Asp Arg Leu Lys Leu Asp Gln Thr His Leu Glu Thr Val Ile Pro Ala
325 330 335

Pro Gly Lys Arg Val Leu Val Leu Asn Gly Gly Tyr Arg Gly Asn Glu
340 345 350

Gly Thr Leu Glu Ser Ile Asn Glu Lys Ala Phe Ser Ala Thr Ile Val
355 360 365

Ile Glu Thr Gly Pro Leu Lys Gly Arg Arg Val Glu Gly Ile Gln Tyr
370 375 380

Glu Asp Ile Ser Lys Leu Ala
385 390

<210> 26

<211> 393

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 26

Met Gly Lys Ser Asp Phe Leu Thr Pro Lys Ala Ile Ala Asn Arg Ile
1 5 10 15

Lys Ser Lys Gly Leu Gln Lys Leu Arg Trp Tyr Cys Gln Met Cys Gln
20 25 30

Lys Gln Cys Arg Asp Glu Asn Gly Phe Lys Cys His Cys Met Ser Glu
35 40 45

Ser His Gln Arg Gln Leu Leu Leu Ala Ser Glu Asn Pro Gln Gln Phe
50 55 60

Met Asp Tyr Phe Ser Glu Glu Phe Arg Asn Asp Phe Leu Glu Leu Leu
65 70 75 80

Arg Arg Arg Phe Gly Thr Lys Arg Val His Asn Asn Ile Val Tyr Asn
85 90 95

Glu Tyr Ile Ser His Arg Glu His Ile His Met Asn Ala Thr Gln Trp
100 105 110

Glu Thr Leu Thr Asp Phe Thr Lys Trp Leu Gly Arg Glu Gly Leu Cys
115 120 125

Lys Val Asp Glu Thr Pro Lys Gly Trp Tyr Ile Gln Tyr Ile Asp Arg
130 135 140

Asp Pro Glu Thr Ile Arg Arg Gln Leu Glu Leu Glu Lys Lys Lys Lys
145 150 155 160

11

Gln Asp Leu Asp Asp Glu Glu Lys Thr Ala Lys Phe Ile Glu Glu Gln
 165 170 175
 Val Arg Arg Gly Leu Glu Gly Lys Glu Gln Glu Val Pro Thr Phe Thr
 180 185 190
 Glu Leu Ser Arg Glu Asn Asp Glu Glu Lys Val Thr Phe Asn Leu Ser
 195 200 205
 Lys Gly Ala Cys Ser Ser Ser Gly Ala Thr Ser Ser Lys Ser Ser Thr
 210 215 220
 Leu Gly Pro Ser Ala Leu Lys Thr Ile Gly Ser Ser Ala Ser Val Lys
 225 230 235 240
 Arg Lys Glu Ser Ser Gln Ser Ser Thr Gln Ser Lys Glu Lys Lys Lys
 245 250 255
 Lys Lys Ser Ala Leu Asp Glu Ile Met Glu Ile Glu Glu Glu Lys Lys
 260 265 270
 Arg Thr Ala Arg Thr Asp Tyr Trp Leu Gln Pro Glu Ile Ile Val Lys
 275 280 285
 Ile Ile Thr Lys Lys Leu Gly Glu Lys Tyr His Lys Lys Lys Ala Ile
 290 295 300
 Val Lys Glu Val Ile Asp Lys Tyr Thr Ala Val Val Lys Met Ile Asp
 305 310 315 320
 Ser Gly Asp Lys Leu Lys Leu Asp Gln Thr His Leu Glu Thr Val Ile
 325 330 335
 Pro Ala Pro Gly Lys Arg Ile Leu Val Leu Asn Gly Gly Tyr Arg Gly
 340 345 350
 Asn Glu Gly Thr Leu Glu Ser Ile Asn Glu Lys Thr Phe Ser Ala Thr
 355 360 365
 Ile Val Ile Glu Thr Gly Pro Leu Lys Gly Arg Arg Val Glu Gly Ile
 370 375 380
 Gln Tyr Glu Asp Ile Ser Lys Leu Ala
 385 390

<210> 27

<211> 21

<212> ADN

<213> Mus sp.

<400> 27

tcaaagacaa ctgttgctgg c

21

<210> 28
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Mus sp.

<400> 28
 ataccttcaa ctctgcgtcc tt 22

<210> 29
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Mus sp.

<400> 29
 aagctgctgc agcagcttat cggg 24

<210> 30
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Mus sp.

<400> 30
 ggtaccttta cacaagccct ctgcc 26

<210> 31
 <211> 27
 <212> ADN
 <213> Mus sp.

<400> 31
 ggtaccagtg cactgaagct gctgggg 27

<210> 32
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Mus sp.

<400> 32
 atttacccaa ctattcacta 20

<210> 33
 <211> 333
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 33
 cctgaaatta ttgtgaaaat tataaccaag aaactgggag agaaatatca taagaaaaag 60
 gctattgtta aggaagtaat tgacaaatat acagctgttg tgaagatgat tgattctgga 120
 gacaagctga aacttgacca gactcattta gagacagtaa ttccagcacc aggaaaaaga 180
 attctagttt taaatggagg ctacagagga aatgaaggta ccctagaatc catcaatgag 240
 aagacttttt cagctactat cgtcattgaa actggccctt taaaaggacg cagagttgaa 300
 ggaattcaat atgaagacat ttctaaactt gcc 333

<210> 34
 <211> 333
 <212> ADN
 <213> Mus sp.

<400> 34
 ccggggatcg ttgtgaaaat tataacgaag aagcttgggg agaaatatca caagaagaaa 60
 ggggtcgtta aggaagtgat tgacaggtac acagctgtgg taaagatgac tgactctgga 120
 gacaggctga aactggacca gactcattta gagacagtca ttccggcccc ggggaaaagg 180
 gttctagttt taaatggagg ctacagagga aatgaaggca ctctcgaatc catcaatgag 240
 aaggcttttt cagccacgat agtcattgaa actggacctt tgaaaggacg cagagttgaa 300
 ggtattcaat atgaagacat atctaaactt gct 333

<210> 35
 <211> 310
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 35
 Pro Arg Gly Leu Ile Leu Glu Ile Leu Glu Val Ala Leu Leu Tyr Ser
 1 5 10 15
 Ile Leu Glu Ile Leu Glu Thr His Arg Leu Tyr Ser Leu Tyr Ser Leu
 20 25 30
 Glu Gly Leu Tyr Gly Leu Leu Tyr Ser Thr Tyr Arg His Ile Ser Leu
 35 40 45
 Tyr Ser Leu Tyr Ser Leu Tyr Ser Ala Leu Ala Ile Leu Glu Val Ala
 50 55 60
 Leu Leu Tyr Ser Gly Leu Val Ala Leu Ile Leu Glu Ala Ser Pro Leu
 65 70 75 80
 Tyr Ser Thr Tyr Arg Thr His Arg Ala Leu Ala Val Ala Leu Val Ala
 85 90 95
 Leu Leu Tyr Ser Met Glu Thr Ile Leu Glu Ala Ser Pro Ser Glu Arg
 100 105 110
 Gly Leu Tyr Ala Ser Pro Leu Tyr Ser Leu Glu Leu Tyr Ser Leu Glu
 115 120 125
 Ala Ser Pro Gly Leu Asn Thr His Arg His Ile Ser Leu Glu Gly Leu
 130 135 140
 Thr His Arg Val Ala Leu Ile Leu Glu Pro Arg Ala Leu Ala Pro Arg
 145 150 155 160
 Gly Leu Tyr Leu Tyr Ser Ala Arg Gly Ile Leu Glu Leu Glu Val Ala
 165 170 175
 Leu Leu Glu Ala Ser Asn Gly Leu Tyr Gly Leu Tyr Thr Tyr Arg Ala
 180 185 190

Arg Gly Gly Leu Tyr Ala Ser Asn Gly Leu Gly Leu Tyr Thr His Arg
 195 200 205
 Leu Glu Gly Leu Ser Glu Arg Ile Leu Glu Ala Ser Asn Gly Leu Leu
 210 215 220
 Tyr Ser Thr His Arg Pro His Glu Ser Glu Arg Ala Leu Ala Thr His
 225 230 235 240
 Arg Ile Leu Glu Val Ala Leu Ile Leu Glu Gly Leu Thr His Arg Gly
 245 250 255
 Leu Tyr Pro Arg Leu Glu Leu Tyr Ser Gly Leu Tyr Ala Arg Gly Ala
 260 265 270
 Arg Gly Val Ala Leu Gly Leu Gly Leu Tyr Ile Leu Glu Gly Leu Asn
 275 280 285
 Thr Tyr Arg Gly Leu Ala Ser Pro Ile Leu Glu Ser Glu Arg Leu Tyr
 290 295 300
 Ser Leu Glu Ala Leu Ala
 305 310

<210> 36
 <211> 311
 <212> PRT
 <213> Mus sp.

<400> 36

Pro Arg Gly Leu Tyr Ile Leu Glu Val Ala Leu Val Ala Leu Leu Tyr
 1 5 10 15
 Ser Ile Leu Glu Ile Leu Glu Thr His Arg Leu Tyr Ser Leu Tyr Ser
 20 25 30
 Leu Glu Gly Leu Tyr Gly Leu Leu Tyr Ser Thr Tyr Arg His Ile Ser
 35 40 45
 Leu Tyr Ser Leu Tyr Ser Leu Tyr Ser Gly Leu Tyr Val Ala Leu Val
 50 55 60
 Ala Leu Leu Tyr Ser Gly Leu Val Ala Leu Ile Leu Glu Ala Ser Pro
 65 70 75 80
 Ala Arg Gly Thr Tyr Arg Thr His Arg Ala Leu Ala Val Ala Leu Val
 85 90 95
 Ala Leu Leu Tyr Ser Met Glu Thr Thr His Arg Ala Ser Pro Ser Glu
 100 105 110
 Arg Gly Leu Tyr Ala Ser Pro Ala Arg Gly Leu Glu Leu Tyr Ser Leu
 115 120 125

Glu Ala Ser Pro Gly Leu Asn Thr His Arg His Ile Ser Leu Glu Gly
 130 135 140

Leu Thr His Arg Val Ala Leu Ile Leu Glu Pro Arg Ala Leu Ala Pro
 145 150 155 160

Arg Gly Leu Tyr Leu Tyr Ser Ala Arg Gly Val Ala Leu Leu Glu Val
 165 170 175

Ala Leu Leu Glu Ala Ser Asn Gly Leu Tyr Gly Leu Tyr Thr Tyr Arg
 180 185 190

Ala Arg Gly Gly Leu Tyr Ala Ser Asn Gly Leu Gly Leu Tyr Thr His
 195 200 205

Arg Leu Glu Gly Leu Ser Glu Arg Ile Leu Glu Ala Ser Asn Gly Leu
 210 215 220

Leu Tyr Ser Ala Leu Ala Pro His Glu Ser Glu Arg Ala Leu Ala Thr
 225 230 235 240

His Arg Ile Leu Glu Val Ala Leu Ile Leu Glu Gly Leu Thr His Arg
 245 250 255

Gly Leu Tyr Pro Arg Leu Glu Leu Tyr Ser Gly Leu Tyr Ala Arg Gly
 260 265 270

Ala Arg Gly Val Ala Leu Gly Leu Gly Leu Tyr Ile Leu Glu Gly Leu
 275 280 285

Asn Thr Tyr Arg Gly Leu Ala Ser Pro Ile Leu Glu Ser Glu Arg Leu
 290 295 300

Tyr Ser Leu Glu Ala Leu Ala
 305 310

PCT

ORGANISATION MONDIALE DE LA PROPRIÉTÉ INTELLECTUELLE
Bureau international



DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITE DE COOPERATION EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(51) Classification internationale des brevets ⁶ : C12N 15/12, C12Q 1/68, C07K 14/47, A61K 38/17, 31/70		A1	(11) Numéro de publication internationale: WO 99/29845 (43) Date de publication internationale: 17 juin 1999 (17.06.99)
(21) Numéro de la demande internationale: PCT/FR98/02667 (22) Date de dépôt international: 9 décembre 1998 (09.12.98) (30) Données relatives à la priorité: 97/15536 9 décembre 1997 (09.12.97) FR (71) Déposant (pour tous les Etats désignés sauf US): COMMISSARIAT A L'ENERGIE ATOMIQUE [FR/FR]; 31-33, rue de la Fédération, F-75015 Paris (FR). (72) Inventeurs; et (75) Inventeurs/Déposants (US seulement): KANNOUCHE, Patricia [FR/FR]; 95, boulevard Bessières, F-75017 Paris (FR). MAUFFREY, Philippe [FR/FR]; 40, rue de la Solidarité, F-94400 Vitry-sur-Seine (FR). PINON-LATAILLADE, Ghislaine [FR/FR]; 33 bis, rue du Mont Valérien, F-92210 Saint-Cloud (FR). BIARD, Denis [FR/FR]; 34, rue Louis Duperrey, F-94320 Thiais (FR). ANGULO-MORA, Jaime, Francisco [FR/FR]; 20, avenue Beethoven, F-91470 Limours (FR). (74) Mandataire: CABINET ORES; 6, avenue de Messine, F-75008 Paris (FR).		(81) Etats désignés: CA, JP, US, brevet européen (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Publiée <i>Avec rapport de recherche internationale. Avant l'expiration du délai prévu pour la modification des revendications, sera republiée si des modifications sont reçues.</i>	

(54) Title: SEQUENCES CODING FOR kin17 PROTEIN AND THEIR APPLICATIONS

(54) Titre: SEQUENCES CODANT POUR UNE PROTEINE kin17 ET LEURS APPLICATIONS

(57) Abstract

The invention concerns a DNAc sequence coding for human kin17 protein, DNAc sequences coding for a truncated kin17 protein, and use of said nucleic sequences and said proteins for regulating cell proliferation. The invention also concerns a method for detecting the human *Kin17* gene and the RNAm of the human *Kin17* gene, by *in situ* hybridization using oligonucleotides and/or by polymerase chain reaction (PCR). The invention further concerns expression vectors or plasmids expressing said proteins.

(57) Abrégé

Séquence d'ADNc codant pour la protéine kin17 humaine, séquence d'ADNc codant pour une protéine kin17 tronquée, ainsi qu'utilisation desdites séquences nucléiques et desdites protéines dans la régulation de la prolifération cellulaire. Procédé de détection du gène *Kin17* humain et de l'ARNm du gène *Kin17* humain, par hybridation *in situ* à l'aide d'oligonucléotides et/ou par amplification en chaîne par polymérase (PCR). Vecteurs d'expression ou plasmides qui expriment les protéines précitées.

UNIQUEMENT A TITRE D'INFORMATION

Codes utilisés pour identifier les Etats parties au PCT, sur les pages de couverture des brochures publiant des demandes internationales en vertu du PCT.

AL	Albanie	ES	Espagne	LS	Lesotho	SI	Slovénie
AM	Arménie	FI	Finlande	LT	Lituanie	SK	Slovaquie
AT	Autriche	FR	France	LU	Luxembourg	SN	Sénégal
AU	Australie	GA	Gabon	LV	Lettonie	SZ	Swaziland
AZ	Azerbaïdjan	GB	Royaume-Uni	MC	Monaco	TD	Tchad
BA	Bosnie-Herzégovine	GE	Géorgie	MD	République de Moldova	TG	Togo
BB	Barbade	GH	Ghana	MG	Madagascar	TJ	Tadjikistan
BE	Belgique	GN	Guinée	MK	Ex-République yougoslave de Macédoine	TM	Turkménistan
BF	Burkina Faso	GR	Grèce	ML	Mali	TR	Turquie
BG	Bulgarie	HU	Hongrie	MN	Mongolie	TT	Trinité-et-Tobago
BJ	Bénin	IE	Irlande	MR	Mauritanie	UA	Ukraine
BR	Brésil	IL	Israël	MW	Malawi	UG	Ouganda
BY	Bélarus	IS	Islande	MX	Mexique	US	Etats-Unis d'Amérique
CA	Canada	IT	Italie	NE	Niger	UZ	Ouzbékistan
CF	République centrafricaine	JP	Japon	NL	Pays-Bas	VN	Viet Nam
CG	Congo	KE	Kenya	NO	Norvège	YU	Yougoslavie
CH	Suisse	KG	Kirghizistan	NZ	Nouvelle-Zélande	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	République populaire démocratique de Corée	PL	Pologne		
CM	Cameroun	KR	République de Corée	PT	Portugal		
CN	Chine	KZ	Kazakstan	RO	Roumanie		
CU	Cuba	LC	Sainte-Lucie	RU	Fédération de Russie		
CZ	République tchèque	LI	Liechtenstein	SD	Soudan		
DE	Allemagne	LK	Sri Lanka	SE	Suède		
DK	Danemark	LR	Libéria	SG	Singapour		
EE	Estonie						

SEQUENCES CODANT POUR UNE PROTEINE kin17 ET LEURS APPLICATIONS.

La présente invention est relative à la séquence d'ADNc codant pour la protéine kin17 humaine, aux séquences d'ADNc codant pour une protéine kin17
5 tronquée, appelée kin17 Δ RH ainsi qu'à l'utilisation desdites séquences nucléiques et desdites protéines dans la régulation de la prolifération cellulaire.

La présente invention est également relative à une procédure de détection du gène *Kin17* humain et de l'ARNm du gène *Kin17* humain, par hybridation *in situ* à l'aide d'oligonucléotides et/ou par amplification en chaîne par polymérase
10 (PCR).

La présente invention est également relative à des vecteurs d'expression ou plasmides qui expriment les protéines précitées ainsi qu'aux bactéries contenant lesdits vecteurs ou plasmides.

La présente invention est également relative à l'utilisation desdits
15 vecteurs pour la production et la purification de la protéine kin17 et de ses formes tronquées ou modifiées et comme médicament (thérapie génique).

Une protéine, dénommée kin17 a été mise en évidence chez la souris par J.F. Angulo et al. (*Mutation Res.*, 1989, 123-134) et est immunologiquement reliée à la protéine recA d'*E. coli* ; son identification a été possible à l'aide d'anticorps anti-
20 recA d'*E. coli*, chez des cellules de rat FR 3T3. La production de cette protéine kin17 est induite par les agents génotoxiques, comme le rayonnement ultra-violet. Elle a une localisation préférentiellement nucléaire. De plus, elle est minoritaire parmi les protéines cellulaires et très sensible à la protéolyse enzymatique.

Elle est vraisemblablement impliquée dans le métabolisme de
25 l'ADN, dans la mesure où elle augmente lors de certaines phases cellulaires de la synthèse de l'ADN et dans la réparation, dans la mesure où elle s'accumule dans le noyau après altération de l'ADN.

Il a été montré (D.S.F. Biard et al., *Radiation Research*, 1997, 147, 442-450) que l'expression de cette protéine kin17 chez le rat est augmentée en
30 présence de radiations ionisantes et qu'elle intervient dans la réparation de l'ADN (A. Tissier et al., *Genomics*, 1996, 38, 238-242).

Poursuivant leurs travaux, J.F. Angulo et al. (Biochimie, 1991, 73, 251-256) ont caractérisé des anticorps anti-recA monospécifiques, aptes à être utilisés pour détecter l'expression de ladite protéine kin17 par des vecteurs d'expression. Ces Auteurs ont ainsi mis en valeur un fragment d'ADNc, dénommé *Kin17*₆₀₁, dérivé de l'ARN embryonnaire de souris et exprimant un polypeptide (kin17₂₀₀) qui présente des réactions croisées avec les anticorps anti-recA.

La comparaison de la séquence du polypeptide (kin₂₀₀) codé par cet ADNc avec la séquence de la protéine recA a conduit à la mise en évidence de séquences communes correspondant à des séquences situées entre les aminoacides 309-347 de la recA.

Dans *Nucleic Acids Research* (1991, 19, 5117-5123), J.F. Angulo et al. ont identifié et exprimé l'ADNc de *Kin17* (1414 pb) chez la souris en utilisant le fragment *Kin17*₆₀₁ précité, comme sonde.

L'ADNc *Kin17* de souris présente un seul cadre de lecture ouvert, entre les positions 25 et 1198, qui code pour une protéine de 391 aminoacides (protéine _{Mm}kin17), qui présente un domaine de liaison au zinc (motif en « doigt de zinc ») entre les résidus 28 et 50 et un déterminant antigénique du même type que celui de la protéine recA entre les positions 162 et 201.

Cette protéine présente un signal de localisation nucléaire, situé entre les positions 240 et 256, qui semble similaire à ceux identifiés dans certaines protéines nucléaires et qui est fonctionnel.

La localisation chromosomique du gène codant pour la protéine kin17 murine a été effectuée par hybridation *in situ*, sur le chromosome 2, chez la souris. Le gène *Kin17* humain est localisé sur le chromosome 10p15-p14.

Le motif en « doigt de zinc » est impliqué dans la liaison de la protéine kin17 à l'ADN double-brin.

La protéine kin17 se lie préférentiellement à l'ADN courbe ; son efficacité de liaison est corrélée à l'importance de la courbure de l'ADN.

Deux protéines présentant différentes modifications (délétions), soit au niveau du motif en « doigt de zinc » (kin17 Δ 1), soit au niveau de l'extrémité C-terminale de la protéine (kin17 Δ 2), conservent la propriété de se lier préférentielle-

ment à l'ADN courbe ; ces propriétés montrent que le motif en « doigt de zinc » n'est pas essentiel pour une liaison préférentielle à cet ADN courbe et qu'un autre domaine reconnaissant l'ADN courbe est impliqué (Mazin et al., N.A.R., 1994, 22, 20, 4335-4341) et est situé entre les aminoacides 71 et 281.

5 Poursuivant leurs travaux, J.F. ANGULO et al. ont également montré la présence de protéine kin17 chez d'autres mammifères que la souris et notamment chez l'homme. Par exemple, D.S.F. Biard et al. (*Arch. Dermatol. Res.*, 1997, 289, 448-456) ont détecté, à l'aide d'anticorps anti-kin17 de souris la protéine kin17 humaine (H_S kin17) dans les cellules de la peau et ont montré que les taux de
10 protéine H_S kin17 augmentent dans les kératinocytes épithéliaux en phase de prolifération (après 7 jours de culture) alors que ces taux chutent en phase de différenciation.

Cependant, malgré la détection de la protéine H_S kin17, il n'a pas été possible jusqu'à présent d'isoler effectivement la séquence codante de cette protéine humaine et ce même en utilisant des sondes d'origine murine.

15 Par exemple, le fragment d'acide nucléique, d'origine humaine, décrit dans le Brevet français n° 2 706 487 ne permet pas d'exprimer la protéine kin17 humaine, ni d'isoler la séquence nucléique complète apte à une expression effective de cette protéine H_S kin17.

Les Inventeurs ont maintenant trouvé que, de manière surprenante,
20 l'expression de la protéine kin17 de mammifère (notamment souris et homme) est corrélée, de manière générale, avec la prolifération cellulaire ; ils ont en particulier trouvé que la protéine kin17 inhibe la prolifération cellulaire ; en outre, une surexpression de protéine kin17 ou d'un fragment C-terminal de ladite protéine kin17 inhibent drastiquement la prolifération cellulaire.

25 Ils ont, en outre trouvé, qu'une protéine tronquée (délétion d'un fragment comprenant la région homologue (RH) entre la protéine kin17 et la protéine RecA était encore plus active dans l'inhibition de la prolifération cellulaire.

En conséquence, les Inventeurs se sont donné pour but de pourvoir à des médicaments aptes à réguler la prolifération cellulaire, à base de ces séquences.

La présente invention a pour objet une séquence d'acide nucléique, caractérisée en ce qu'elle présente la séquence SEQ ID NO:1 et en ce qu'elle est apte à exprimer une protéine kin17 humaine fonctionnelle.

La présente invention a également pour objet une séquence d'acide nucléique, caractérisée en ce qu'elle code pour une protéine kin17 tronquée au niveau
5 de la région homologue à la protéine recA.

Selon un mode de réalisation avantageux de ladite séquence d'acide nucléique, elle code pour une protéine kin17 tronquée qui correspond à une protéine kin17 dans laquelle au moins le fragment compris entre les aminoacides 162 et 201 et
10 au plus le fragment compris entre les aminoacides 55-235 est délété.

Selon une disposition avantageuse de ce mode de réalisation, ladite séquence d'acide nucléique code pour une protéine kin17 tronquée qui correspond à la protéine kin17 de souris dans laquelle le fragment compris entre les aminoacides 129-228 est délété et présente la séquence SEQ ID NO:2.

Selon une autre disposition avantageuse de ce mode de réalisation,
15 ladite séquence d'acide nucléique code pour une protéine kin17 tronquée qui correspond à la protéine kin17 humaine dans laquelle le fragment 129-228 est délété et présente la séquence SEQ ID NO:3.

La présente invention a également pour objet des fragments, de 20 à
20 40 nucléotides de la séquence SEQ ID NO:1, pour la détection du gène codant pour la protéine kin17 humaine et/ou de l'ARN du gène *Kin17* dans un échantillon biologique.

De tels fragments servent notamment d'amorces pour la PCR, la RT-PCR ou l'hybridation *in situ*. Selon les cas, ils peuvent avantageusement être marqués
25 à l'aide d'un marqueur non-radioactif convenable (substances fluorescentes, ligands tels que la biotine ou un haptène).

Parmi lesdits fragments, on peut citer en particulier les séquences SEQ ID NO:5-21, répertoriées dans le Tableau ci-après, ainsi que les séquences SEQ ID NO:33 et 34.

Hu89D (SEQ ID NO:5)	CTCAGGAGACGCTTTGGCACTA
Hu857R (SEQ ID NO:6)	CCTGGTGCTGGAATTACTGTCT
Hu3r (SEQ ID NO:7)	TCTTTTCGTTTCACTGATGCT
Hu4d (SEQ ID NO:8)	GGGAGAGAAATATCATAAGAAAA
Hu5d (SEQ ID NO:9)	TCCCTCTGTAGCCCTCCCATTT
Hu6d (SEQ ID NO:10)	TTTTCAGCTACTATCGTTCATT
Hu8d (SEQ ID NO:11)	CGAGTGCCTGAAGACGATAGG
Hu9r (SEQ ID NO:12)	ATTCTTTTCGTTTCACTGAT
Hu10r (SEQ ID NO:13)	GGCAATACCAGCGTAGCTTCTGCAGC
Hu11r (SEQ ID NO:14)	CTCTGATGAGATTCGGACATACAAT
Hu12r (SEQ ID NO:15)	TCTCCTGAGAAGTTCTAGAAA
Hu-KPNd (SEQ ID NO:16)	ACTGCCAAATTTATTGAAGAGCAAGTGAGAAGAGGCCTGG
Hu-KPNr (SEQ ID NO:17)	CCAGGCCTCTTCTCACTTGCTCTTCAATAAATTTGGCAGT
HsKin10d (SEQ ID NO:18)	AGAAAGTGATCGCTGCCGTGGT
HsKin1251r (SEQ ID NO:19)	GCGAACACCAATTTGATGCTTTAAGA
Hu174D (SEQ ID NO:20)	TCAGAGACAACCTATGCTGGC
Hu1170R (SEQ ID NO:21)	ATTCCTTCAACTCTGCGTCCTT

La présente invention a également pour objet des fragments de la séquence SEQ ID NO:1, aptes à servir de sonde pour l'hybridation ADN-ADN ou ADN-ARN ; parmi de tels fragments, on peut citer la séquence SEQ ID NO:4, correspondant aux positions 207-1208 de la séquence SEQ ID NO:1 (sonde 1000) et les séquences SEQ ID NO:1 et 5 à 21.

La présente invention a également pour objet des fragments d'une séquence d'acide nucléique codant pour un segment d'une protéine kin17 de mammifère (séquences SEQ ID NO:1 et SEQ ID NO:24), lesquels fragments comprennent entre 300 et 360 nucléotides codant pour la partie C-terminale de ladite protéine kin17 et sont aptes à contrôler la prolifération cellulaire.

Selon un mode de réalisation avantageux desdits fragments, il sont sélectionnés dans le groupe constitué par la SEQ ID NO:33 et la SEQ ID NO:34.

La présente invention a également pour objet un procédé de détection de l'ADN génomique ou d'un produit de transcription du gène humain *Kin17*, par

hybridation et/ou amplification génique, réalisé à partir d'un échantillon biologique, lequel procédé est caractérisé en ce qu'il comprend :

(1) une étape au cours de laquelle l'on met en contact un échantillon biologique à analyser avec au moins une sonde sélectionnée dans le groupe constitué
5 par les séquences SEQ ID NO:1-21 et

(2) une étape au cours de laquelle on détecte par tout moyen approprié le ou les produits résultant de l'interaction séquence nucléotidique-sonde.

Conformément audit procédé, il peut comprendre, préalablement à l'étape (1) :

10 . une étape d'extraction de l'acide nucléique à détecter, et
. au moins un cycle d'amplification génique réalisé à l'aide d'une paire d'amorces sélectionnée parmi les séquences SEQ ID NO:5-21.

Selon un mode de mise en oeuvre avantageux dudit procédé, la sonde de l'étape (1) est éventuellement marquée à l'aide d'un marqueur tel qu'un iso-
15 tope radioactif, une enzyme appropriée ou un fluorochrome.

Selon une disposition avantageuse de ce mode de mise en oeuvre, ladite sonde est constituée par la séquence SEQ ID NO:4.

Selon un autre mode de mise en oeuvre avantageux dudit procédé, ladite paire d'amorces est constituée par une séquence SEQ ID NO:16 appariée avec
20 une séquence SEQ ID NO:17.

La présente invention a également pour objet un procédé de détection d'un produit de transcription du gène humain *Kin17*, caractérisé en ce qu'il comprend :

25 - une étape d'extraction de l'ARN à détecter,
- une étape de synthèse de l'ADNc correspondant audit ARN par transcription inverse en présence d'amorces aléatoires,
- au moins un cycle d'amplification génique réalisé à l'aide d'une paire d'amorces sélectionnée parmi les séquences SEQ ID NO:5-21, et
- la détection du produit amplifié.

30 Selon un mode de mise en oeuvre avantageux dudit procédé, ladite paire d'amorces est sélectionnée dans le groupe constitué par les paires suivantes :

séquences SEQ ID NO:5 et SEQ ID NO:12, qui permettent d'amplifier un fragment de 453 pb (fragment A) ; séquences SEQ ID NO: 18 et SEQ ID NO:19, qui permettent d'amplifier un fragment de 1265 pb (fragment B) et séquences SEQ ID NO:16 et SEQ ID NO:7, qui permettent d'amplifier un fragment de 224 pb (fragment C).

5 De manière avantageuse, les fragments d'ADNc amplifiés sont séparés par électrophorèse, de préférence sur gel d'agarose, visualisés en présence de bromure d'éthidium et quantifiés à l'aide du logiciel NIH image (National Institute of Health, USA).

Conformément à l'invention, elle englobe également les réactifs de
10 détection d'une séquence nucléique codant pour une protéine kin17 de mammifère ou un fragment modifié de ces séquences, caractérisés en ce qu'ils incluent les séquences SEQ ID NO:4-21, 33 et 34 ainsi que les fragments A de 453 pb, B de 1265 pb et C de 224 pb, éventuellement marqués.

La présente invention en outre pour objet une protéine kin17 Δ RH,
15 caractérisée en ce qu'elle correspond à une protéine kin17 tronquée au niveau d'une région homologue de la protéine recA.

Selon un mode de réalisation avantageux de ladite protéine kin17 Δ RH tronquée, elle correspond à une protéine kin17 dans laquelle au moins le fragment compris entre les aminoacides 162 et 201 et au plus le fragment compris
20 entre les aminoacides 55-235 est délété.

Selon une disposition avantageuse de ce mode de réalisation, ladite protéine kin17 Δ RH tronquée correspond à la protéine kin17 de souris dans laquelle le fragment compris entre les aminoacides 129-228 est délété et présente la séquence SEQ ID NO:22 (séquence dénommée _{Mm}kin17 Δ RH).

25 Selon une autre disposition avantageuse de ce mode de réalisation, ladite protéine kin17 Δ RH tronquée correspond à une protéine kin17 humaine dans laquelle le fragment 129-228 est délété et présente la séquence SEQ ID NO:23 (séquence dénommée _{HS}kin17 Δ RH).

La présente invention a également pour objet des fragments de
30 protéine kin17, caractérisés en ce qu'ils comprennent entre 100 et 120 acides aminés

et sont situés en position C-terminale ; ils sont de préférence sélectionnés dans le groupe constitué par la SEQ ID NO:35 et la SEQ ID NO:36.

De tels fragments inhibent, de manière inattendue, la prolifération cellulaire ; la séquence SEQ ID NO:35 correspond aux résidus 283-393 de la séquence humaine de kin17 (SEQ ID NO:26) ; la séquence SEQ ID NO:36 correspond aux résidus 281-391 de la séquence de souris de kin17 (SEQ ID NO:25).

La présente invention a également pour objet l'utilisation du fragment compris entre les aminoacides 55-235, éventuellement muté, de préférence le fragment compris entre les aminoacides 129 et 228 d'une protéine kin17 de mammifère, pour la régulation de l'interaction protéine-ADN courbe.

En effet, l'obtention de mutants dans ce domaine d'interaction protéine-ADN courbe constitue un outil de choix pour bloquer certains processus biologiques comme la prolifération, la traduction ou l'intégration du virus du SIDA dans le génome humain ou pour transporter des protéines effectrices par la construction de fusions protéiques domaine de fixation à l'ADN courbe-enzyme de réparation, à des endroits où l'ADN est courbe ou courbé.

La présente invention a également pour objet l'utilisation d'une protéine kin17 de mammifère ou d'un fragment C-terminal de 100 à 120 acides aminés de ladite protéine kin17, pour la préparation d'un médicament régulant la prolifération cellulaire ou la fertilité.

Conformément à l'invention, on utilise ladite protéine kin17 de mammifère ou ledit fragment C-terminal de 100 à 120 acides aminés, pour la préparation d'un médicament inhibant la prolifération cellulaire, notamment destiné au traitement des maladies dans lesquelles on observe une hyperprolifération cellulaire.

Selon un mode de réalisation avantageux de ladite utilisation, ladite séquence est sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:22, 23, 25, 26, 35 et 36.

La présente invention a également pour objet un vecteur d'expression, caractérisé en ce qu'il inclut une séquence codant pour une protéine kin17 de mammifère ou pour un fragment de celle-ci sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:1, 2, 3, 33, 34.

Selon un mode de réalisation avantageux dudit vecteur, ladite séquence codant pour ladite protéine kin17 ou ledit fragment de celle-ci est fusionnée avec un gène qui code pour une protéine fluorescente.

De tels vecteurs sont notamment utiles :

- 5 - pour la préparation d'un médicament contrôlant la prolifération cellulaire,
- comme outil de détection, notamment pour visualiser les sites et la progression de la réparation de l'ADN et les centres de biosynthèse intranucléaire.

De manière avantageuse, ledit vecteur est associé à des séquences
10 appropriées de régulation.

La présente invention a également pour objet l'utilisation d'un vecteur d'expression incluant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:1, 2, 3, 24, 33 et 34 pour la préparation d'un médicament contrôlant la prolifération cellulaire.

15 De manière préférée, ledit vecteur est un plasmide, il peut être gardé dans des bactéries telles que *E. coli* ; on peut citer, à titre d'exemple, la bactérie *MOSBlue* (Amersham, France), qui possède le génotype suivant :

end AI hsdR17 ($r_{k12}^{-m} k12^{+}$)sup E44 thi-1 rec AI gyr A96 rel AI lac
[F' pro A⁺ B⁺ lac_qIⁿ 2ΔM15::Tn10(Tc^R)].

20 On obtient ainsi des bactéries cMOS transformées :

- bactérie PK1 : bactérie cMOS transformée avec le plasmide pMOSBlue (Amersham, France) dans lequel l'ADNc *HSKin17* (défini par la SEQ ID NO:1) a été introduit ;
- bactérie PK2 : bactérie cMOS transformée avec le plasmide
25 pCMVDT21 (Bourdon et al., 1997, Oncogene) dans lequel l'ADNc *HSKin17* (défini par la SEQ ID NO:1) a été introduit.

Outre les dispositions qui précèdent, l'invention comprend encore d'autres dispositions, qui ressortiront de la description qui va suivre, qui se réfère à des exemples de mise en oeuvre du procédé objet de la présente invention ainsi qu'aux
30 dessins annexés, dans lesquels :

- la figure 1 illustre la détection des produits PCR par électrophorèse sur gel. L'ADN est révélé par coloration au bromure d'éthidium. Comme marqueurs de poids moléculaire, des fragments d'ADN de taille connue sont présents dans la colonne A.

5 - les figures 2A et 2B illustrent la comparaison des séquences nucléiques (figure 2A) et protéiques (figure 2B) *HSKin17* et *MmKin17*. Nucléotides = 86 % d'identité, acides aminés = 92,4 % d'identité.

 - la figure 3 représente une autoradiographie de l'analyse par hybridation des ARN totaux extraits de différents tissus humains (panneau A) ou de différentes cellules tumorales humaines (panneau B), avec la Sonde-1000 (SEQ ID NO:4).

10 - la figure 4 illustre la détection de l'ARN messenger du gène *Kin17* dans le testicule de souris par hybridation *in situ*.

 - la figure 5 est une représentation schématique des protéines produites par transfection transitoire. La séquence des acides aminés est représentée de façon linéaire. Le nom des protéines est indiqué à gauche de chaque protéine et la taille est mentionnée à droite.

 - la figure 6 illustre la détection des cellules HeLa transfectées avec le vecteur pCMV_{Mm}Kin17. Les noyaux sont colorés en bleu grâce au DAPI. La coloration intranucléaire verte correspond à la localisation de la protéine _{Mm}kin17 ; la figure 6A illustre la détection de _{Mm}kin17 dans des cellules qui expriment un taux faible de protéine _{Mm}kin17 et la figure 6B illustre la détection de _{Mm}kin17 dans des cellules qui expriment un taux fort de protéine kin17 ; agrandissement : x 1000.

20 - la figure 7 représente des cellules HeLa qui expriment un taux faible de protéine _{Mm}kin17 (avec des foyers intranucléaires présentant un diamètre d'environ 0,5 µm ; panneau A) ou des cellules qui expriment un taux fort de protéine kin17 (détection des déformations de la morphologie nucléaire DMN ; panneau B).

 - la figure 8 représente l'immunodétection de la protéine _{Mm}kin17ΔRH dans les cellules HeLa transfectées par le plasmide pCMVKin17ΔRH. Utilisation de pAbanti-RecA comme premier anticorps (panneau A). Détection avec
30 l'anticorps pAb2064 (panneau B).

- la figure 9 correspond à l'analyse par immunocytochimie et par microscopie en contraste de phase des cellules HeLa qui surproduisent la protéine $Mm^{kin17\Delta CT}$.

- la figure 10 montre que la déformation de la morphologie nucléaire est corrélée à une inhibition de la réplication de l'ADN. La figure 10A représente l'immunodétection de la protéine $Mm^{kin17\Delta RH}$ (en rouge) et l'incorporation de BrdU (en vert) dans les cellules HeLa exprimant la protéine $Mm^{kin17\Delta RH}$. Le BrdU (Bromodésoxyuridine) est un analogue de nucléotide (thymidine) qui s'incorpore dans l'ADN au cours de la réplication. La figure 10B est un tableau récapitulatif qui montre l'inhibition de la réplication de l'ADN après formation des déformations de la morphologie nucléaire (DMN), due à l'expression des protéines $Mm^{kin17\Delta RH}$ ou Mm^{kin17} .

- la figure 11 illustre la carte génétique des plasmides pEBVMT Δ (pB220) et pEBVMT Mm^{kin17} (pB223).

- la figure 12 illustre l'analyse en cytométrie à balayage laser de la protéine Mm^{kin17} dans les cellules du clone B223.1 : 9 mois après la transfection, à la fois les cellules B223.1 et les cellules B220 sontensemencées à raison de $3 \cdot 10^4$ cellules/cm², trois jours avant de commencer le traitement aux métaux lourds (ZnCl₂ 100 μ M et CdSO₄ 1 μ M). 24 heures après, les cellules sont fixées et colorées avec un anticorps anti-RecA spécifique de la protéine Mm^{kin17} . La détection immunocytochimique est réalisée à l'aide du cytomètre ACAS 570 (Meridian Inc.). Les panneaux A et B correspondent aux cellules B223.1, avec ou sans métaux lourds ; les panneaux C et D correspondent aux cellules B220 avec ou sans métaux lourds. Chaque section est analysée en même temps pour la protéine Mm^{kin17} (panneau gauche) et l'iodure de propidium (PI) (panneau droit). Les intensités de fluorescence spécifiques à la protéine Mm^{kin17} et au PI sont représentées avec des échelles de fluorescence arbitraires.

- la figure 13 illustre la détection immunocytochimique de la protéine Mm^{kin17} dans les cellules du clone B223.1 : 6 mois après la transfection, les

cellules B223.1 et B220 sontensemencées à raison de 6.10^4 cellules ou 10^4 cellules/cm², respectivement et traitées, dans les mêmes conditions que celles exposées pour la figure 12. La coloration est réalisée avec l'anticorps anti-RecA. Les panneaux A et B correspondent aux cellules B223.1 avec ou sans métaux lourds ; les panneaux C et D correspondent aux cellules B220 avec ou sans métaux lourds. On utilise un anticorps anti-RecA et un anticorps secondaire conjugué au fluorochrome Cy2TM pour détecter la protéine $M_{mm}kin17$. La fluorescence est analysée avec un programme Visiolab 1000 (Biocom) couplé à un microscope Axiophot 2 (Zeiss) et une caméra refroidie, comme précisé ci-dessus (agrandissement de chaque panneau : x 100).

10 - la figure 14 montre des cellules polynucléées B223.1 surexprimant la protéine $M_{mm}kin17$: 8 mois après la transfection, des cellules B223.1 sontensemencées comme précisé ci-dessus (voir figure 12). 24 heures après le traitement aux métaux lourds ($100 \mu M$ $ZnCl_2$ et $1 \mu M$ de $CdSO_4$), les cellules sont fixées et colorées avec un anticorps anti-RecA. Agrandissement : (A) x 504 ; (B et C) x 1000 ; (D et 15 F) x 1260 ; (E) x 2000. La fluorescence est analysée avec un programme Visiolab 1000.

- la figure 15 illustre l'analyse du cycle cellulaire dans des cellules HEK293 surexprimant la protéine $M_{mm}kin17$: 6 mois après la transfection, les cellules sontensemencées aux mêmes dilutions et trois jours après un traitement aux métaux lourds pendant 24 heures. Les cellules sont récupérées et analysées. Les flèches 20 indiquent les cellules polynucléées.

- la figure 16 illustre l'influence de la surproduction de la protéine $M_{mm}kin17$ sur l'efficacité des cellules B223.1 à former des clones : 8 mois après la transfection, les cellules B220, B223.1 et B223.2 sontensemencées à 10^3 , 10^2 et 10^1 25 cellules/cm², en présence d'hygromycine B ($125 \mu g/ml$). Après 10, 12 et 18 jours en culture, respectivement, les cellules sont fixées et colorées.

- la figure 17 illustre le taux de prolifération des cellules B223.1 : à différents moments après la transfection, la croissance cellulaire est évaluée. (A) : des cellules sontensemencées à la même dilution (10^3 cellules/cm²) en présence 30 d'hygromycine B ($125 \mu g/ml$). A différents moments après l'ensemencement, les

cellules sont trypsinisées et comptées. (B) : pour évaluer l'efficacité à former des clones, les trois lignées cellulaires sont évaluées à différentes densités : $10^3/\text{cm}^2$ pour les cellules B220, $2.10^3/\text{cm}^2$ pour les cellules B223.2 et $10^4/\text{cm}^2$ pour les cellules B223.1. Les expériences sont réalisées en présence ou en l'absence d'hygromycine B (125 $\mu\text{g/ml}$). Pour chaque courbe, la moyenne de trois boîtes de culture est calculée :
-○- : cellules B220 sans hygromycine ; -●- : cellules B220 avec hygromycine ; -□- : cellules B223.1 sans hygromycine ; -■- : cellules B223.1 avec hygromycine ; -▲- : cellules B223.2 sans hygromycine ; -◄- : cellules B223.2 avec hygromycine.

- la figure 18 illustre la détection, *in vivo* par fluorescence, des protéines de fusion GFP-kin17 Δ CT (à gauche) et GFP-kin17SLN-CT (à droite) après transfection des cellules HeLa avec les plasmides pEGFP-Kin17 Δ CT et pEGFP-Kin17SLN-CT respectivement.

Dans ces figures, les différentes colorations apparaissent sous forme grisée.

Il doit être bien entendu, toutefois, que ces exemples sont donnés uniquement à titre d'illustration de l'objet de l'invention, dont ils ne constituent en aucune manière une limitation.

EXEMPLE 1: Procédé de clonage de l'ADNc du gène *Kin17* humain (*HSKin17*).

Pour isoler l'ADNc du gène *HSKin17*, des cellules lymphoblastoïdes humaines, appelées cellules Boleth, qui possèdent un caryotype normal, ont été utilisées. 10^7 cellules ont été traitées avec une solution dénaturante ; les protéines ont été éliminées après centrifugation à 12000 rpm pendant 20 min. à 4°C (RNA-B, Bioprobe, France). Les ARNs totaux sont récupérés dans la phase aqueuse et précipités par addition d'un volume d'alcool isopropylique à -20°C et centrifugés. Après resuspension dans 1 ml d'H₂O distillée, les ARNs sont de nouveau précipités à -20°C dans un volume d'alcool isopropylique et 0,2 M de NaCl. Après récupération par centrifugation et rinçage avec de l'éthanol à 70 %, les ARNs sont remis en suspension dans de l'eau et conservés à -80°C. Les ARNs ainsi obtenus ont été utilisés par la suite dans la réaction de transcription inverse (RT) des ARNs, pour la synthèse des ADNc complémentaires correspondants. Les ADNc obtenus sont traités par une réaction de

polymérisation en chaîne (PCR), en présence d'une polymérase thermostable, pour obtenir un fragment de l'ADNc *HSKin17*.

Obtention d'un fragment de 1000 nucléotides de l'ADNc humain par RT-PCR.

5 Des oligonucléotides, dérivés de la séquence nucléotidique de l'ADNc *Kin17* de souris (couple d'oligonucléotides SEQ ID NO:27 = TCAAAGACAACCTGTTGCTGGC et SEQ ID NO:28 = ATACCTTCAACTCTGCGTCCTT) ont été utilisés de la façon suivante: 1 µg d'ARN totaux ont été mélangé à 5 mM de MgCl₂, 1X tampon de PCR, 1 mM de dNTPs, 10 1 U/ml d'inhibiteur de RNase, 2,5 mM d'oligo d(T)₁₆ et 2,5 U/ml de transcriptase inverse. Le mélange est incubé 20 min. à température ambiante pour permettre à la séquence d'oligo d(T)₁₆ d'hybrider avec les extrémités polyA⁺ des ARNs et d'initier la transcriptase inverse. Le mélange est ensuite incubé 20 min. à 42°C puis 5 min. à 99°C et 5 min à 5°C. Ces différentes incubations permettent la transcription inverse 15 des ARN messagers en ADN complémentaire. La PCR est réalisée en utilisant les oligonucléotides SEQ ID NO:27 et 28 précités. Après PCR, les produits de l'amplification ont été séparés dans un gel d'agarose à 1,5 %. La présence d'ADN est révélée par du bromure d'éthidium (figure 1). Les marqueurs de taille présents dans la colonne A de la figure 1, ont permis de déterminer la taille des produits 20 d'amplification. Un fragment d'ADN de 1000 paires de bases est clairement détectable dans le cas d'une amplification réalisée sur l'ADNc obtenu (colonne C). Par contre, on constate que lorsque l'on omet de mettre l'enzyme qui permet l'étape de transcription inverse, ce fragment d'ADN est absent (colonne B). Ceci démontre bien la présence de l'ARN messenger *HSKin17* dans les cellules humaines ; le fragment de 25 1000 paires de bases obtenu (SEQ ID NO:4) n'est pas dû à une contamination d'ADN génomique.

La séquence du fragment de 1000 paires de bases est déterminée selon la technique de séquençage automatique décrite dans Tissier A. et al., 1996, précité. La séquence SEQ ID NO:4, correspondant à un fragment de l'ADNc *HSKin17* est 30 identique à 86 % à celle de souris *MmKin17*. Le polypeptide codé est identique à 92,4 %. C'est l'isolement de ce fragment de l'ADNc *HSKin17* qui a effectivement permis

d'entreprendre le clonage de l'ADNc *HSKin17* complet (Figure 2 : Comparaison des séquences des fragments d'ADNc *HSKin17* avec l'ADNc *Kin17* de souris).

EXEMPLE 2 : Criblage d'une banque d'ADNc humain : clonage et détermination de la séquence nucléotidique de l'ADN complémentaire du gène *HSKin17*.

5 Le fragment radiomarké de 1000 paires de bases de l'ADNc du gène *HSKin17* (appelée Sonde-1000; SEQ ID NO:4) a été utilisé comme sonde pour cribler une banque d'ADNc humains obtenus à partir d'ARNs messagers exprimés dans des testicules et insérés dans le vecteur λ gt11. L'ADN des phages qui hybrident avec la sonde ont été purifiés et l'ADNc humain a été séquencé.

10 **PROTOCOLE :** La banque a été obtenue à partir d'ARN poly A+ purifiés à partir de testicules humains. Les ADN complémentaires ont été obtenus en utilisant comme amorce une séquence de poly d(T). Après transcription inverse et dégradation des ARNs qui ont servi de matrice, des séquences nucléotidiques correspondant au site de restriction de l'enzyme de digestion EcoRI ont été greffées de part
15 et d'autre des extrémités des ADNc. Après digestion par l'enzyme EcoRI, tous les ADNc sont insérés au site EcoRI du vecteur λ gt11. 250 000 bactériophages λ gt11 recombinants contenant des ADNc humains sont incubés 20 min. à 37°C avec 0,3 ml de bactéries réceptrices 6334 (préculture de 16 h à 37°C), puis mélangés avec 9 ml de milieu LB agarose, chauffé à 48°C. L'ensemble est coulé sur des boîtes de Pétri de
20 140 mm de diamètre contenant du milieu LB-agar. Les boîtes ont été incubées à 42°C pendant 5 heures puis à 37°C, 16 h, jusqu'à ce que les plages de lyses arrivent à confluence. Un filtre de nitrocellulose sec (Schleicher & Shuell, BA85) est ensuite déposé pendant 1 min. sur la surface de la boîte, marquée de façon asymétrique avec de l'encre de chine. On obtient de cette façon une réplique des plages de lyse sur le
25 filtre. Le fragment de 1000 paires radiomarké (Sonde-1000) (SEQ ID NO:4) de l'ADNc du gène *HSKin17* est utilisé pour le criblage selon les traitements suivants :

a) Dénaturation et immobilisation de l'ADN du bactériophage λ gt11 sur des filtres de nitrocellulose.

30 Les filtres sont placés pendant 5 min., face en contact avec les phages vers le haut, sur des feuilles de papier Whatmann imbibées de solution dénaturante (0,5 N NaOH, 1,5 M NaCl), pour permettre la lyse des phages et la dénaturation

de l'ADN. Les filtres sont ensuite transférés pendant 5 min. dans la solution de neutralisation (1,5 M NaCl, 0,5 M Tris-HCl, pH = 7,4), puis lavés pendant 10 min. dans du tampon 2X SSC, et ensuite séchés à 80°C, sous vide, pendant 2 heures. Une deuxième série des filtres est mise en contact pendant 2 min. avec les plages de lyses, à la surface de la boîte. Ils seront traités de la même façon que la première empreinte. Les boîtes contenant les phages sont conservées à 4°C dans l'obscurité. L'ADN fixé sur les filtres est alors hybridé avec la sonde-1000 radiomarquée (Maniatis et al., *Molecular Cloning, a Laboratory Manual*, 1989). La deuxième série des filtres avec des empreintes ont été hybridés avec une sonde radiomarquée correspondant à l'ADNc *Kin17* de souris (Angulo et al., N.A.R., 1991, précité).

b) Hybridation des ADNs recombinants et détection des phages qui s'hybrident avec la sonde.

Six filtres ont été placés chacun dans un tube et incubés pendant 3 heures à 65°C dans la solution d'hybridation (5 X SSPE, 5 X Denhardt's solution, 0,5 % SDS), en présence de 50 µg/ml final d'ADN de sperme de hareng soniqué (préalablement dénaturé à 100°C, pendant 10 min., puis placé dans la glace).

b-1)- Marquage radioactif des sondes : 30 ng d'ADN correspondant au fragment de 1000 pdb de l'ADNc *HSKin17* (sonde -1000 de séquence SEQ ID NO:4) ou correspondant à l'ADNc *Kin17* de souris (sonde-1400) ont été chauffés 10 min. à 100°C et incubés en présence d'amorces (hexamères), d'un désoxyribonucléotide marqué au phosphore radioactif ([α -³²P]-dCTP), des trois autres désoxyribonucléotides triphosphates non radioactifs et de la fraction Klenow de la polymérase I d'*E. coli*. Le marquage est effectué à 37°C pendant 30 min., puis la sonde est purifiée sur tamis moléculaire (SEPHADEX G50, Pharmacia). Le taux d'incorporation de la radioactivité est mesuré à l'aide d'un compteur à scintillation liquide. L'activité spécifique des sonde-1000 et sonde-1400 étaient de 0,8-3x10⁸ cpm/µg (*Random Primed DNA Labeling Kit*. Boehringer).

b-2)- Hybridation: Les filtres sont incubés dans la solution d'hybridation dans laquelle la sonde-1000 (SEQ ID NO:4) ou la sonde-1400 radiomarquée (préalablement dénaturée à 100°C pendant 10 min.) a été ajoutée.

L'incubation est réalisée pendant 16 heures à 65°C. Après hybridation, les filtres sont lavés de la façon suivante :

3 lavages de 10 min. dans du tampon 2 X SSC, 0,1 % SDS à température ambiante,
1 lavage de 45 min. dans du tampon 1 X SSC, 0,1 % SDS à 65°C.

5 Après élimination de l'excès de radioactivité, les filtres sont mis en contact avec des films X-OMAT AR (Kodak) qui sont placés à - 80°C pendant 16 heures.

*c) Isolement des phages qui possèdent l'ADNc du gène *HSKin17*.*

Les plages de lyse qui ont donné un résultats positif par autoradio-
10 graphie ont été repérées sur les boîtes de Pétri et prélevées et remises en suspension dans 100-300 µl de tampon SM (0,1 M NaCl, 10⁻³ M SO₄, 0,02 M Tris-HCl pH 7,5, 0,01 % de gélatine) contenant 5 µl de chloroforme. Le même protocole utilisé pour le criblage permet par la suite de purifier les phages positifs ainsi que leur ADN pour déterminer la taille des inserts et la séquence de l'ADNc.

15 **Purification de l'ADN du phage λgt11 et détermination de la séquence nucléotidique de l'ADN complémentaire du gène *HSKin17*.**

On procède comme décrit dans le Brevet français n° 2 706 487.

EXEMPLE 3 : Méthodes de caractérisation de l'expression du gène *Kin17* par détection de l'ARN messenger et de la protéine codée.

20 ***Immunodétection de la protéine kin17 (de souris et humaine) dans des cellules en culture.***

Les cellules cultivées sur lamelles sont lavées 3 fois avec du PBS, puis fixées à l'aide d'une solution de méthanol acétone (3v/7v) pendant 10 minutes à - 20°C. L'immunodétection est ensuite réalisée à température ambiante en chambre
25 humide. Après réhydratation des cellules pendant 10 min. dans du PBS, les lamelles sont incubées 10 min. dans une solution de 3% de H₂O₂ dans du PBS. Après 3 lavages de 5 min. avec du PBS, les lamelles sont incubées 30 min. dans 5 % de sérum de chèvre dans du PBS. Les lamelles sont ensuite rincées 3 fois 5 min. dans du PBS, puis incubées pendant 2 heures avec un anticorps dirigé contre la protéine kin17, dénommé
30 pAb2064 (Biard et al., Arch. Dermatol., 1997, précité) ou un anticorps anti-RecA, dilué au 1/100 dans du PBS. Après 3 rinçages de 5 min. dans du PBS, les lamelles

sont incubées avec un anticorps anti-immunoglobulines de lapin biotinylé, produit chez la chèvre, dilué au 1/200 dans du PBS. Après 3 lavages de 5 min. dans du PBS, les lamelles sont recouvertes pendant 30 min. avec le réactif ABC (Vectastain, Elite ABC Kit, Vector Laboratories) qui contient de l'avidine et de la peroxydase de raifort biotinylée, puis de nouveau rincées 3 fois 5 min. dans du PBS. La peroxydase est révélée par la diaminobenzidine (Polysciences Inc.), utilisée à la concentration de 0,5 mg/ml en présence de 0,01% de H₂O₂ dans du tampon Tris pH 7,4. La réaction est arrêtée après quelques minutes, par immersion des lamelles dans l'eau. Les lamelles sont ensuite montées avec Aquamount amélioré (BDH, Gurr) et observées avec un microscope AXIOPHOTE 2 de Carl ZEISS équipé pour l'immunofluorescence indirecte et avec une caméra refroidie (caméra CCD, Coolview, Photonic Science, UK) qui est contrôlée par un ordinateur.

Détection de l'ARN messager du gène HSKin17 par hybridation in situ dans les lymphocytes T.

Les lymphocytes humains, déposés sur les lames par cytocentrifugation, ont été fixés avec du paraformaldéhyde à 4 % pendant 10 min., rincés au PBS puis déshydratés par passages successifs dans des solutions à 70 %, 90 % et 100 % d'alcool, avant d'être conservés à -80°C. Après hydratation dans du PBS, toutes les étapes de la détection ont été réalisées dans une chambre humide. Les lames sont incubées pendant 10 min. avec une solution de H₂O₂ à 3% dans du PBS, puis rincées 3 fois 5 min. dans du PBS. Les lames sont successivement traitées pendant 10 min. par des solutions de glycine 0,1 M dans du PBS et de Triton X-100, 0,3 % également dans du PBS avant d'être incubées pendant 2 heures à 37°C dans le tampon de préhybridation (50 % de formamide désionisé, SSC 4x, solution de Denhardt 1x, 0,1 mg/ml d'ADN de sperme de saumon, 0,125 mg/ml d'ARN de transfert et 0,8 % de sarcosyle).

Marquage de l'oligonucléotide à la digoxygénine.

On utilise 100 pm d'un oligonucléotide synthétique de 40 nucléotides (SEQ ID NO:16 ou 17) et marqués par la Dig-11-dUTP à l'extrémité 3', à l'aide de la trousse Boehringer Mannheim (Dig Oligonucléotides Tailing Kit. Réf. 1417231). Le marquage des sondes est contrôlé à l'aide d'un anticorps anti-digoxygénine, couplé à la phosphatase alcaline (révélation par une solution de NBT-BCIP).

Conditions d'hybridation et révélation des hybrides.

Sur chaque lame comprenant des lymphocytes fixés, ont été déposés 100 µl de solution d'hybridation composée de 4 pmoles de sonde marquée pour 96 µl de tampon de préhybridation. L'hybridation est réalisée à 37°C pendant 16 heures.

5 La révélation a été réalisée à l'aide de la trousse TSATM Direct (kit NEN Réf. NEL 731). Après hybridation, les lames sont lavées successivement 3 fois pendant 10 min. dans du tampon SSC2X, SSC1X, SSC0,5X à température ambiante, puis 3 fois pendant 5 min. dans du tampon Tris-HCl 0,1 M, pH 7,5, NaCl 0,15 M, Tween-20 0,05 % (TNT). Les cellules sont ensuite incubées avec un tampon de
10 blocage composé de Tris-HCl 0,1 M pH 7,5, NaCl 0,15 M et 0,5 % de réactif bloquant pendant 30 min. Après blocage, l'immunodétection est réalisée pendant 90 min. avec un anticorps anti-digoxygénine couplé à la peroxydase (Boehringer Mannheim, Ref 1207733). L'anticorps est utilisé à une dilution au 1/100 dans le tampon de blocage de la trousse d'hybridation (TSATM Direct). L'incubation est suivie de 3 rinçages de 5
15 min. dans le tampon TNT puis la peroxydase est détectée par action de la tyramide couplée à la fluorescéine pendant 5 min. comme décrit par le fournisseur (TSATM Direct, NEN). Après 3 lavages de 5 min. dans le TNT, les cellules sont colorées avec une solution de 10⁻³ µg/ml de 4',6-diamidino-2 phénylindole (DAPI) pendant 10 min. Les lames sont ensuite rincées dans le tampon TNT avant d'être montées à l'aide du
20 Vectasheild®, un produit de montage protecteur de la fluorescence (Vector Laboratories, ref: H-1000). La fluorescéine est observée à 525 nm et le DAPI à 425 nm avec un microscope AXIOPHOTE 2 de Carl ZEISS équipé pour l'immunofluorescence indirecte et avec une caméra refroidie, comme précisé ci-dessus.

25 *Détection de l'ARN messager du gène MmKin17 par hybridation in situ dans les testicules de souris.*

Les testicules sont prélevés et inclus immédiatement à -20°C dans le milieu d'inclusion OCT (OCT compound, Tissue-Tek, Miles. Réf. 4583). Des coupes de 10 µm d'épaisseur sont réalisées au cryostat à -20°C. Elles ont été utilisées immédiatement ou congelées et gardées à -80°C jusqu'à utilisation. La première étape est la
30 fixation au paraformaldéhyde 4 %, puis le protocole est identique à celui décrit ci-dessus, pour la détection du gène humain dans les lymphocytes T. Les sondes utilisées

pour la souris sont les oligonucléotides synthétiques : sonde anti-sens = 5'-CCA GGC CTC TTC TCA CCT GCT CCT CAA TGA ACT TGG CAG T-3' (SEQ ID NO:17) et sonde sens : 5'-ACT GCC AAG TTC ATT GAG GAG CAG GTG AGA AGA GGC CTG G-3' (SEQ ID NO:16). On observe une hybridation spécifique au niveau des spermatocytes zygotènes (Figure 4).

Détection de l'ARN messager du gène HSKin17 par hybridation des ARN immobilisés sur membrane avec une sonde d'ADN radiomarquée.

La quantité de transcrit *Kin17* présent dans différents tissus est déterminée par la méthode de Northern (électrophorèse, transfert et hybridation des ARNs). On utilise des membranes de Nylon sur lesquelles 2 µg d'ARN poly A+ de différents tissus humains sont transférés (coeur, cerveau, placenta, poumon, foie, muscle squelettique, rein, pancréas, rate, thymus, prostate, testicule, ovaire, petit intestin, colon et lymphocyte du sang périphérique, MTN, Clontech). La préhybridation et l'hybridation sont effectuées dans un four (*hybridization oven/shaker* d'Amersham). La membrane est placée dans des tubes et incubée à 42°C pendant 5 heures avec 15 ml de solution d'hybridation (50 % formamide, 5 X SSPE, 5 X Denhardt's solution, 0,5 % SDS) en présence de 50 µg/ml final d'ADN de sperme de hareng soniqué (préalablement dénaturé à 100°C pendant 10 min. puis placé dans la glace). La membrane est ensuite incubée dans la solution d'hybridation dans laquelle la sonde-1000 radiomarquée (SEQ ID NO:4) (préalablement dénaturée à 100°C pendant 10 min) a été ajoutée. L'incubation est réalisée pendant 16 heures à 42°C. Pour éliminer l'excès de sonde, la membrane est lavée deux fois 20 min., à température ambiante dans du 2 X SSC, 0,1 % SDS, deux fois 15 min., à 42°C dans du 0,5 X SSC, 0,1 % SDS puis une fois 15 min., à 60°C dans du 0,1X SSC, 0,1 % SDS. Les filtres sont ensuite mis en contact avec des films X-OMAT AR (Kodak) ou Hyperfilm-MP (Amersham) à -80°C pendant 60-100 heures. Le panneau A de la Figure 3 montre l'autoradiographie obtenue après hybridation des ARN totaux extraits de différents tissus humains avec la Sonde-1000. Il existe une expression préférentielle du gène *HSKin17* dans certains tissus comme le testicule, l'ovaire, le coeur, le muscle squelettique ou le petit intestin alors qu'il est pratiquement indécélable dans d'autre tissus comme le rein, le poumon ou le cerveau.

EXEMPLE 4 : Détection de l'ARN *HSKin17* dans des lignées tumorales humaines.

Le taux d'ARN messenger *HSKin17* dans différentes cellules dérivées des tumeurs humaines (leucémie promyélocytaire (HL60), adénocarcinome de la glande cervicale (HeLa S3), leucémie myéloïde chronique (K-562), leucémie lymphoblastique (MOLT-4), lymphome de Burkitt Raji, adénocarcinome colorectal (SW480), carcinome du poumon (A549, mélanome (G361)) a été déterminé. Le protocole de détection du transcrit *HSKin17* utilisé est le même que celui décrit pour la détection de l'ARN *Kin17* dans les tissus humains (voir exemple 3). On utilise une membrane sur laquelle 2 µg d'ARN poly A+ de différentes cellules tumorales ont été immobilisés (MTN, Clontech). Le panneau B de la Figure 3 représente l'autoradiographie obtenue après hybridation de la sonde-1000 avec les ARN totaux extraits de différents cellules tumorales humaines. Après quantification des signaux obtenus pour l'ARN *HSKin17* par rapport à ceux calculé pour l'ARN d'actine, on constate que l'expression du gène *HSKin17* est très variable suivant la lignée : on observe une expression très faible dans les cellules HL60, alors qu'on observe une différence d'un facteur 15 dans les cellules K-562 ou d'un facteur 10 dans les cellules dérivées de l'adénocarcinome colorectale. Les cellules tumorales semblent donc réguler différemment l'expression du gène *HSKin17*.

EXEMPLE 5 : Etude de la surexpression transitoire de la protéine kin17 de souris (M_{mm} kin17) et de ses formes tronquées dans des cellules humaines.

On a observé que les fibroblastes BALB/c 3T3 lorsqu'ils sont stimulés à proliférer présentent une accumulation intranucléaire de la protéine M_{mm} kin17 dans les cellules en phase S (réplication de l'ADN). Pour mieux cerner le rôle de la protéine kin17 sur la prolifération cellulaire, on a testé l'effet d'une surexpression de la protéine M_{mm} kin17 sur la prolifération cellulaire. Un système de transfection transitoire, qui permet de surexprimer la protéine M_{mm} kin17 dans les cellules de mammifères en culture, a été utilisé. Les vecteurs obtenus expriment bien la protéine M_{mm} kin17 (vérification par des techniques d'immunofluorescence indirecte à l'aide des anticorps

polyclonaux pAb2064 dirigés contre la protéine Mm kin17 (Biard et al., Arch. Dermatol., 1997, précité et Brevet français n° 2 706 487).

On observe l'effet de la surexpression transitoire de différentes formes tronquées de la protéine kin17 sur la prolifération cellulaire.

5 *Construction des vecteurs d'expression eucaryotes.*

Tous les plasmides utilisés pour cette étude ont été construits à partir du vecteur pCMVDT21 qui permet une expression élevée du transgène (Bourdon et al., 1997). La phase ouverte de lecture de l'ADNc *Kin17* de souris (Angulo et al., 1991, N.A.R., précité) est insérée dans le vecteur pCMVDT21 digéré par l'enzyme de restriction XhoI pour obtenir le plasmide pCMVKin17. On utilise aussi l'ADNc appelé
10 *MmKin17ΔCT*. Il correspond à une délétion du fragment compris entre le nucléotide 854 et le nucléotide 1034 de l'ADNc *MmKin17*, et a déjà été décrit (Mazin et al., 1994, précité). Cet ADNc code pour une protéine tronquée dans sa région C-terminale, nommée protéine **kin17ΔCT** (délétée dans la région C-terminale), qui a un poids
15 moléculaire de 32407 Daltons. Cet ADNc *Kin17ΔCT* est inséré dans le vecteur pCMVDT21 ; on obtient ainsi le plasmide pCMVKin17ΔCT. Un deuxième mutant est obtenu en déléant l'ADNc *MmKin17* du nucléotide 412 au nucléotide 705. Un tel acide nucléique code pour une protéine tronquée (absence de 99 amino-acides entre les résidus 129 et 228), au niveau d'une région contenant la séquence homologue à la
20 protéine RecA. Cette protéine mutée a été nommée Mm **kin17ΔRH** (délétée dans la Région Homologue). L'ADNc *MmKin17ΔRH* est généré de la façon suivante :

a) Amplification par PCR de la région 5' de l'ADNc *MmKin17* (entre les nucléotides 1 à 411) à partir du vecteur pcD2Kin17 (Angulo et al., 1991) en utilisant le couple d'oligonucléotides :

25 5'-AAGCTGCTGCAGCAGCTTATCGGG-3' (SEQ ID NO:29) et
5'-GGTACCTTTACACAAGCCCTCTCGCC-3' (SEQ ID NO:30).

b) Amplification par PCR de la région 3' de l'ADNc *MmKin17* (entre les nucléotides 706-1352) en utilisant les amorces :

5'-GGTACCAGTGCACTGAAGCTGCTGGGG-3' (SEQ ID NO:31) et
30 5'-ATTTACCCAACCTATTCACTA-3' (SEQ ID NO:32).

Les deux produits d'amplification sont ensuite ligués entre eux au site *KpnI* (séquence soulignée). Le séquençage de la jonction des deux fragments a montré que le cadre de lecture de la protéine kin17 est intacte. L'ADN ainsi obtenu est inséré dans le vecteur pCMVDT21 pour donner le plasmide pCMVKin17ΔRH.

5 La Figure 5 montre la représentation schématique des différentes protéines exprimées. La séquence des acides aminés est représentée de façon linéaire. Le nom des protéines est indiqué à gauche de chaque protéine et la taille est mentionnée à droite. La Région Homologue à la protéine RecA (RH, aa 163 à 201) et le Signal de Localisation Nucléaire (SLN, aa 235 à 285) sont présentés dans des rectangles
10 hachurés. Les résidus délétés sont numérotés en fonction de leur position respective dans la séquence de la protéine kin17 et sont indiqués comme des discontinuités.

Transfection transitoire de vecteurs d'expression dans les cellules humaines.

Les différentes constructions ont été transfectées dans des cellules
15 HeLa, qui sont des cellules humaines issues d'un adénocarcinome de la glande cervicale (référence ATCC CCL-2). On obtient 10 % de cellules transfectées. La transfection s'effectue de la façon suivante : les cellules HeLa sontensemencées dans des boîtes de 35 mm de diamètre dans lesquelles une lamelle de verre a préalablement été déposée. Les cellules sont incubées dans un milieu DMEM contenant 4,5 g/l de
20 glucose, 10 % de sérum de veau foetal et 1 % de pénicilline-streptomycine à une densité de 2×10^5 cellules par boîte. 24 heures plus tard, les cellules sont incubées avec le mélange suivant : pour chaque transfection, on mélange 3 µg d'ADN à 10 µl de CaCl_2 2,5 M dans un volume final de 100 µl. Le précipité est homogénéisé et additionné goutte à goutte à 100 µl de tampon de transfection (274 mM NaCl ; 1 mM
25 KCl ; 1,5 mM Na_2HPO_4 , 12 H_2O ; 11 mM D(+) Glucose ; 25 mM HEPES ; ajusté à pH 7,15 et stérilisé par filtration). Le mélange est incubé pendant 20 minutes à température ambiante puis déposé goutte à goutte sur les cellules. L'incubation dure 16 heures à 37°C. Les cellules sont ensuite rincées 3 fois avec du PBS, puis remises dans du milieu DMEM contenant 10 % de SVF et 1 % de pénicilline-streptomycine
30 pendant 24 heures à 37°C. Les cellules humaines transfectées sont fixées avec une solution de méthanol/acétone (3v/7v) à -20°C pendant 10 min., puis séchées à tempé-

rature ambiante pendant 10 min., afin d'analyser par immunofluorescence indirecte la localisation de la protéine M_m kin17 surproduite.

Détection de la protéine kin17 par immunofluorescence indirecte.

5 Les cellules fixées sont réhydratées 10 min. dans du PBS, puis incubées en chambre humide 1h30 à 37°C avec l'anticorps pAb2064 dilué au 1/100 dans du PBS en présence de 3 % BSA. Après 3 lavages de 5 minutes dans du PBS à température ambiante et sous agitation, les cellules sont incubées avec le deuxième anticorps anti-immunoglobulines de lapin produit chez la chèvre, couplé au fluorochrome CyTM
10 2 (Jackson Immuno Research Laboratories), dilué au 1/500, pendant 45 minutes à 37°C et dans l'obscurité. Les lamelles sont ensuite lavées 3 fois 10 minutes dans du PBS et incubées dans une solution de 10^{-3} µg/ml de 4',6-diamidino-2-phénylindole (DAPI) pendant 5 min. Les lamelles sont ensuite rincées à l'eau avant d'être collées sur une lame avec un produit de montage (Glycergel, Dako).

15 La Figure 6 correspond à une photographie des cellules HeLa transfectées par le plasmide pCMVKin17 contenant l'ADNc *MmKin17* sous le contrôle du promoteur du cytomégalo virus. Le marquage de l'ADN par le DAPI permet de distinguer, colorés en bleu, les noyaux des cellules. La coloration intranucléaire verte correspond au marquage indirect de la protéine M_m kin17 surproduite dans les cellules
20 transfectées.

La protéine M_m kin17 est localisée essentiellement dans des foyers intranucléaires discrets.

On a détecté des cellules qui expriment un taux faible de protéine M_m kin17. La localisation est clairement nucléaire et on observe une concentration de la
25 protéine M_m kin17 dans des foyers intranucléaires d'un diamètre d'environ 0,5 µm (Figure 7 A). Lorsque la protéine kin17 est exprimée en grande quantité, elle forme des foyers intranucléaires plus gros, avec des dimensions similaires, voire plus grandes que les nucléoles (Figure 7B). Ce résultat montre que la protéine kin17 produite par le vecteur pCMVKin17 s'exprime, que les anticorps pAb2064 reconnaissent sa forme native et qu'elle présente une localisation nucléaire. Ces résultats
30

confirment qu'*in vivo*, le signal de localisation nucléaire est bien fonctionnel. La localisation de la protéine $M_{mm}kin17$ dans des foyers intranucléaires discrets semble refléter la compartimentalisation fonctionnelle des processus biologiques qui ont lieu dans le noyau. En effet, des profils similaires ont déjà été observés pour d'autres protéines impliquées, soit dans le complexe multiprotéique de réplication, soit dans le complexe de transcription ou encore pour des protéines intervenant dans l'épissage alternatif des ARNm.

La surexpression de la protéine $M_{mm}kin17\Delta RH$ conduit à la formation d'aggrégats intranucléaires.

10 Le vecteur pCMVKin17 ΔRH est transfecté dans les cellules humaines dans les mêmes conditions que celles décrites précédemment. La détection de la protéine $M_{mm}kin17\Delta RH$ par la méthode d'immunofluorescence indirecte est réalisée soit en utilisant l'anticorps anti-kin17 (pAb2064) ou l'anticorps anti-RecA (Brevet français n° 2 706 487, Angulo et al., Biochimie, 1991, précité). On observe que
15 l'anticorps pAbanti-RecA est incapable de détecter la protéine $M_{mm}kin17\Delta RH$ (Figure 8, panneaux A : cellules HeLa transfectées par le plasmide pCMVKin17 ΔRH et traitées pour l'immunodétection avec l'anticorps pAbanti-RecA). Ceci démontre que la région homologue à la protéine RecA est effectivement responsable de la réactivité croisée entre la protéine kin17 et les anticorps pAbanti-RecA. En revanche, la protéine
20 kin17 ΔRH est facilement détectée en utilisant l'anticorps pAb2064 (Figure 8, panneaux B : cellules HeLa transfectées par le plasmide pCMVKin17 ΔRH et traitées pour l'immunodétection avec l'anticorps pAb2064). On observe une coloration verte nucléaire correspondant au marquage indirect de la protéine kin17 ΔRH surproduite dans les cellules transfectées. Les noyaux des cellules sont colorés avec le DAPI. La
25 distribution de la protéine $M_{mm}kin17\Delta RH$ est différente de celle de la protéine $M_{mm}kin17$. En effet, la protéine $M_{mm}kin17\Delta RH$ forme de larges aggrégats intranucléaires dans toutes les cellules transfectées indépendamment de la quantité de protéine surproduite. Ceci pourrait indiquer que la délétion des amino-acides entre 129 et 228 augmente la liaison de la protéine $M_{mm}kin17\Delta RH$ à un autre composant nucléaire comme l'ADN ou

la chromatine. D'autres approches biochimiques ont montré que la solubilité de la protéine $M_{\text{m}}\text{kin}17\Delta\text{RH}$ est différente de celle de la protéine $M_{\text{m}}\text{kin}17$.

La présence de la protéine $M_{\text{m}}\text{kin}17\Delta\text{RH}$ produit des déformations de la morphologie nucléaire (DMN) des cellules HeLa.

5 On transfecte des cellules HeLa avec le plasmide pCMVKin17 Δ RH, puis on détecte par immunofluorescence indirecte les cellules exprimant la protéine $M_{\text{m}}\text{kin}17\Delta\text{RH}$. L'analyse par microscopie en contraste de phase montre que 100 % des cellules transfectées présentent des altérations de la morphologie nucléaire (Figure 8, contraste de phase). Lorsque les cellules surproduisent la protéine $M_{\text{m}}\text{kin}17\Delta\text{CT}$ il est impossible de détecter ce type de DMN (Figure 9). Dans le cas de la production des faibles quantités de protéine $M_{\text{m}}\text{kin}17$, on observe la formation de foyers intranucléaires et les cellules présentent une morphologie nucléaire normale sans altérations (comme décrit plus haut). Par contre, la surexpression d'une quantité importante de protéine $M_{\text{m}}\text{kin}17$ mène à la formation de très gros foyers intranucléaires qui
10 ressemblent à la distribution de la protéine $M_{\text{m}}\text{kin}17\Delta\text{RH}$ et dans ce cas, les cellules présentent systématiquement des DMN (Figure 7). Le fait que 100 % des cellules qui expriment la protéine $M_{\text{m}}\text{kin}17\Delta\text{RH}$ ont des altérations de la morphologie nucléaire indique le phénotype dominant de ce mutant.

Les DMN sont corrélées à une inhibition de la réplication de l'ADN.

20 On démontre que l'expression des protéines $M_{\text{m}}\text{kin}17$ et $M_{\text{m}}\text{kin}17\Delta\text{RH}$ produisent des DMN et affectent des processus biologiques nucléaires comme la réplication. Un résumé des résultats est présenté à la figure 10. L'ADNc *MmKin17 Δ RH* est introduit dans des cellules humaines HeLa. Après expression du plasmide, la protéine kin17 est détectée par immunofluorescence indirecte à l'aide
25 d'un anticorps marqué à la rhodamine (coloration rouge). En parallèle, dans les mêmes cellules, on détecte le taux de réplication de l'ADN par l'incorporation de BrdU (coloration verte) ; l'ADN génomique contenu dans les noyaux est visualisé par le

DAPI (coloration bleue) (figure 10). La surexpression de la protéine $Mmkin17\Delta RH$ inhibe complètement l'incorporation du BrdU (figure 10).

Test de clonogénicité des cellules surexprimant la protéine kin17 ou ses formes mutées.

5 Les plasmides pCMVDT21, pCMVKin17, pCMVKin17 ΔRH ou pCMVKin17 ΔCT ont été cotransfectés avec le plasmide pEGFP-N1 (Clontech) dans des cellules HeLa, qui sont ensuite incubées pendant 20 jours dans un milieu contenant un marqueur de sélection (généticine). Les colonies formées sont comptées. Le nombre de colonies formées par les cellules transfectées avec le plasmide pCMVDT21
10 est considéré comme 100 %.

La protéine kin17 permet la formation de 10 % de colonies. La protéine kin17 ΔRH permet la formation de 20 % de colonies.

La protéine kin17 ΔCT permet la formation de 70 % de colonies.

La présence de la protéine kin17 ou kin17 ΔRH affecte considérablement la croissance des cellules, alors que la protéine kin17 ΔCT n'a pas d'action inhibitrice sur la prolifération cellulaire.
15

Effets de la surproduction de la protéine kin17 ΔCT et rôle du fragment C-terminal.

- Construction des vecteurs exprimant des protéines de fusion.

20 Les plasmides utilisés pour cette étude ont été construits à partir du vecteur pEGFP-C3 qui exprime la protéine GFP (*Green Fluorescent Protein*, Clontech). Il a été inséré en phase de l'ADNc qui code pour la GFP, l'ADNc appelé MmKin17 ΔCT . On obtient ainsi le plasmide pEGFP-Kin17 ΔCT qui exprime la protéine de fusion GFP-kin17 ΔCT qui a un poids moléculaire de 60 kDa. Une
25 deuxième protéine de fusion a été créée en insérant en phase de l'ADNc qui code pour la GFP, l'ADNc appelé MmKin17SLN-CT qui code pour le signal de localisation nucléaire ainsi que pour la partie C-terminale de la protéine kin17, nommée protéine kin17SLN-CT. On obtient ainsi le plasmide pEGFP-Kin17SLN-CT qui exprime la protéine de fusion GFP-kin17SLN-CT qui a un poids moléculaire de 46 kDa.

- Résultats :

La détection de la protéine kin17 Δ CT par immunofluorescence indirecte montre que cette protéine tronquée a plutôt une distribution nucléaire homogène avec une forte réduction du nombre de foyers intranucléaires. D'autre part, la sur-
5 production de cette protéine kin17 Δ CT ne génère jamais de déformation intranucléaire. De plus, sa présence dans les cellules n'affecte ni la réplication de l'ADN ni la prolifération cellulaire. Ces différents résultats montrent que la région peptidique responsable de la formation des foyers intranucléaires, des altérations de la morphologie nucléaire et de l'inhibition de la prolifération cellulaire semble être la région C-
10 terminale.

Pour vérifier cette hypothèse, la localisation subcellulaire des protéines de fusion GFP-kin17 Δ CT (délétée dans la région C-terminale) et GFP-kin17SLN-CT (possède le SLN et la région C-terminale de la protéine kin17) a été déterminée.

15 La figure 18 montre la détection, *in vivo*, de ces deux protéines dans les cellules HeLa : alors que la protéine de fusion GFP-kin17 Δ CT présente une localisation nucléaire diffuse, la protéine GFP-kin17SLN-CT montre essentiellement une localisation sous forme de foyers nucléaires similaires à ceux formés par la protéine kin17. Ainsi, ces observations démontrent que la région C-terminale de la protéine
20 kin17 est capable de diriger une protéine hétérologue (la GFP) dans les foyers intranucléaires et suggèrent fortement que c'est cette région qui est responsable des effets cytotoxiques observés lors de la surproduction de la protéine kin17.

EXEMPLE 6 : Obtention des cellules humaines qui ont une expression stable de la protéine M_{mm} kin17. Effet sur la prolifération cellulaire.

25 Pour confirmer les effets produits par l'expression transitoire de la protéine M_{mm} kin17, on a cherché à isoler des cellules qui expriment en continu la protéine M_{mm} kin17 et à déterminer l'effet de cette expression ectopique sur la survie cellulaire, la prolifération et la morphologie des cellules. On a utilisé l'ADN complémentaire $M_{mm}Kin17$ de souris porté par des vecteurs navettes "EBV" afin de transfecter des
30 cellules humaines en culture, appelées HFK293. Les cellules HEK 293 ("*Transformed*

human embryo kidney cells "HEK- Ad5), établies à partir de reins embryonnaires transformés par des fragments de l'Adénovirus 5 (Graham F.L. et al., *J. Gen. Virol.*, 1977, **36**, 59-72). On cherche à sélectionner des cellules capables d'exprimer la protéine Mm kin17. On a supposé que la surproduction de la protéine kin17 de souris dans les cellules humaines a un effet biologique très proche de la protéine humaine étant donné la conservation des séquences observée entre l'homme et la souris (figure 2A et 2B).

Les vecteurs d'expression EBV portant l'ADNc Mm Kin17.

L'ADNc Mm Kin17 est introduit dans des vecteurs d'expression dérivés du virus d'Epstein Barr (vecteurs EBV) sous le contrôle d'un promoteur viral très puissant ("*human cytomegalovirus immediate-early promoter*" ou "IE HCMV") ou d'un promoteur inductible par les métaux lourds (promoteur de souris mMT-I du gène de la métallothionéine I). Ces plasmides sont dérivés de ceux déjà publiés (Biard et al., *Biochim. BioPhys. Acta*, 1992, **1130**, 68-74 ; Biard et al, *Exp. Cell Res.*, 1992, **200**, 263-271). Ces vecteurs ont les avantages suivants : 1) se maintiennent de façon épisomale (extrachromosomique) stable dans les cellules humaines ; 2) persistent en nombre faible de copies par cellule (1 à 20 dans les lignées établies) ; 3) se répliquent une fois par cycle cellulaire ; 4) se ségrègent entre les cellules filles comme les chromosomes ; 5) présentent un bruit de fond de mutagenèse spontanée extrêmement faible 6) ne perturbent pas l'intégrité fonctionnelle des cellules transfectées ; 7) permettent la sélection des cellules qui les portent par le fait de conférer la résistance à l'hygromycine ou à la généticine (G418).

Les étapes de clonage dans les vecteurs EBV et d'analyse de ces vecteurs ont déjà été décrites (Biard et al., *Biochim. BioPhys. Acta*, 1992 ; Biard et al, *Exp. Cell Res.*, 1992, précités). Parmi les plasmides construits, 4 d'entre eux ont plus particulièrement été étudiés : le vecteur pEBVMT Mm Kin17 (ou pB223) (figure 11), le vecteur pEBVMT Δ (ou pB220) (figure 11), le vecteur pEBVCMV Mm Kin17 (ou pB291) et le vecteur pEBVCMVAS Mm Kin17 (ou pB291AS dans lequel l'ADNc Mm Kin17 a été inséré en position "anti-sens"). Après le clonage, les vecteurs sont amplifiés dans la bactérie DH5 et purifiés sur des colonnes "Qiagen" selon les recom-

mandations du fournisseur. Cet ADN est alors utilisé pour transfecter les cellules humaines.

La transfection des cellules humaines.

Les cellules d'eucaryotes ont été cultivées dans des boîtes 6-puits contenant 2 ml de milieu par puits. Par la suite, 1 à 2 µg d'ADN par puits sont transfectés (selon le type cellulaire) par précipitation avec du chlorure de calcium (Biard et al., *Biochim. BioPhys. Acta*, 1992 ; Biard et al, *Exp. Cell Res.*, 1992, précités). Les cellules sont incubées à 37°C toute la nuit et le milieu est remplacé par du milieu frais sans antibiotique. 48 heures après la transfection, les protéines cellulaires sont analysées par la technique de "Western blot" ou d'immunohistochimie comme décrit précédemment (Biard et al, *Rad. Res.*, 1997; Biard et al, *Arch. Dermatol. Res.*, 1997). La purification des plasmides par la technique de "Hirt" permet leur caractérisation par hybridation ADN-ADN ou par transformation des bactéries DH5α et amplification (Biard et al, *Exp. Cell Res.*, 1992, précité). Les cultures cellulaires sont poursuivies en présence de 250 µg/ml d'hygromycine dans le milieu pendant 4 jours, puis avec 125 µg/ml d'hygromycine ou de généticine (750 µg/ml pendant 4 jours, puis 250 µg/ml), afin de déterminer la croissance clonogénique et d'établir des lignées continues.

Effet de la surexpression de la protéine Mm^{kin17} dans des cellules tumorales H1299.

Les cellules H1299 (ATCC CRL-5803) sont des cellules épithéliales humaines du poumon qui ont été établies après prélèvement d'un patient atteint d'un carcinome pulmonaire NSCLC ("non small cell lung cancer"). Ces cellules tumorales présentent une inactivation du gène *p53*. L'expression de l'ADNc *MmKin17* sous le contrôle du promoteur puissant IE HCMV entraîne une diminution très importante du nombre de colonies formées 14 jours après la transfection et cela en présence du marqueur de sélection (hygromycine ou généticine). Dans les mêmes conditions, l'expression de l'ADNc *MmKin17* anti-sens permet l'établissement de très nombreux clones. De ce fait, il ressort qu'une expression ectopique de la protéine Mm^{kin17} dans les cellules tumorales H1299 entraîne un désavantage sélectif important. Il est donc

très difficile, voire impossible d'établir des lignées dérivées des cellules H1299 exprimant en continu la protéine Mm^{kin17} .

Obtention des cellules HEK 293 immortelles qui surexpriment la protéine Mm^{kin17} .

5 Ces cellules HEK 293 présentent les caractéristiques suivantes: 1) sur 4 à 5 fragments du génome viral, intégrés dans leur génome (12 % de l'extrémité gauche et une copie de 9 % de l'extrémité droite) (Aiello L. et al., *Virology*, 1979, **94**, 460-469), seuls les transcrits de l'extrémité gauche sont détectés ; 2) caractère transformé et perte de l'inhibition de contact ; 3) sécrètent leurs propres facteurs de croissance et donc poussent en milieu faible en sérum ; 4) tumorigénicité modérée (15 %
10 des souris *nudes* présentant des tumeurs) ; 5) efficacité de transfection supérieure à 30 %. (observée 48 h après la transfection d'un vecteur pEBVCMVlacZ ou d'un vecteur pEBVCMVEGFP).

On observe que 48h après la transfection du vecteur
15 pEBVCMV Mm^{Kin17} , un grand nombre de cellules expriment la protéine Mm^{kin17} à un niveau très élevé. Après sélection à l'hygromycine (250 µg/ml), on observe dans tous les cas un nombre très important de clones, ce nombre étant toujours plus important que celui observé après transfection du vecteur contrôle pEBVCMVAS Mm^{Kin17} . Ainsi, 14 jours après la sélection, la viabilité des cellules est compatible avec
20 l'expression de la protéine Mm^{kin17} . Après plusieurs semaines, on constate une perte progressive du nombre de cellules exprimant la protéine Mm^{kin17} . Ceci se reproduit dans de nombreuses expériences de transfection. Cela indique que l'expression ectopique de la protéine Mm^{kin17} entraîne un désavantage sélectif des cellules HEK 293, qui entraîne leur disparition. En revanche, les cellules HEK 293 transfectées par
25 d'autres vecteurs EBV, comme les vecteurs pEBVCMVlacZ, pEBVMTlacZ, ou pEBVCMVlacI maintiennent une expression stable du gène d'intérêt (ici les gènes bactériens *lacZ* ou *lacI*) pendant de nombreux mois, voire de nombreuses années (Biard et al., *Cancer Res.*, 1992, précité).

On transfecte des cellules HEK 293 avec le vecteur pEBVMT_{Mm}Kin17. Dans ce vecteur, l'expression de l'ADNc *MmKin17* est contrôlée par le promoteur mMT-I. De ce fait, l'expression basale de l'ADNc *MmKin17* est considérablement plus faible que celle obtenue avec le promoteur IE HCMV. De plus, l'expression peut être augmentée par l'utilisation de métaux lourds dans le milieu de culture. On a isolé et analysé plusieurs clones stables qui expriment un taux très faible de protéine _{Mm}kin17. L'avantage de ce système est que l'introduction de 100 µM de Zn et 1 µM de Cd dans le milieu de culture active le promoteur mMT-I et augmente l'expression de l'ADNc *MmKin17* (figure 12).

Un clone, dénommé cellules B223.1 (figure 12), puisqu'il porte le vecteur pEBVMT_{Mm}Kin17 (ou pB223), présente une expression basale assez élevée de la protéine _{Mm}kin17, alors que le clone dénommé pB223.2 présente une expression basale basse de la protéine _{Mm}kin17. La caractérisation de ce clone pendant plus de 8 mois en culture continue a montré que le taux de la protéine _{Mm}kin17 est corrélé avec une diminution très importante de la prolifération cellulaire.

La protéine _{Mm}kin17 est détectée dans les cellules transfectées par coloration immunocytochimique ; alors que l'on n'observe aucun signal avec les cellules B220 (figure 12C et D), un signal intense est détecté dans toutes les cellules B223.1, 24 heures après un traitement aux métaux lourds avec un anticorps anti-recA (figure 12A et 12B).

On observe également des différences d'expression dans la population de cellules B223.1.

En utilisant la microscopie conventionnelle avec un filtre étroit pour analyser l'émission du fluorochrome Cy2TM, on observe moins de 1 % de cellules B223.1 surexprimant la protéine _{Mm}kin17, en l'absence de stimulation avec les métaux lourds (figure 13A) ; après stimulation aux métaux lourds, on détecte un fort signal spécifique, localisé dans les noyaux des cellules B223.1 (figure 13B).

Dans ces conditions expérimentales, la protéine endogène _{HS}kin17 n'est pas détectable (figure 12C et 13C).

On observe également une diminution de la croissance clonogénique des cellules B223.1, une incapacité à pousser à faible densité, et une mauvaise adhérence au support de culture (figure 13B). Les cellules B223.1 sont souvent géantes et polynucléées (figure 14). On observe plus de cellules polynucléées dans la population
5 de cellules B223.1 que dans les deux autres lignées cellulaires (B220 et B223.2) (figure 15). Elles présentent des structures nucléaires multilobées ainsi que des micronoyaux. Ces résultats indiquent que la viabilité des cellules humaines HEK 293 est compatible avec une expression constitutive faible de la protéine Mm^{kin17} . En revanche, un taux d'expression élevé affecte négativement la prolifération cellulaire.
10 Ces résultats indiquent que la surexpression de la protéine Mm^{kin17} compromet la viabilité cellulaire. Tous ces résultats renforcent l'hypothèse selon laquelle la protéine Mm^{kin17} devrait intervenir dans le contrôle (négatif) de la prolifération cellulaire (figure 16).

Lorsque les cellules B223.1 sontensemencées à une densité de 10^3
15 cellules/cm², on observe qu'en l'absence de métaux lourds, ces cellules sont incapables de croître après 7 jours en culture ; elles restent rondes et ne s'étalent pas (figure 12 et 17A). Alors que les cellules B223.1 commencent à croître après 7 jours en culture, les deux autres lignées cellulaires arrivent presque à confluence (figure 17A). Lorsque ces différentes lignées cellulaires sont mises en croissance à différentes
20 densités pour tenir compte de leur efficacité à former des plaques, on observe un taux de prolifération réduit des cellules B223.1, en comparaison avec les deux autres lignées (figure 17B). Dans la mesure où l'on n'observe aucune différence en présence ou en l'absence d'hygromycine, B, on doit considérer que ces résultats ne sont pas dus à une différence de sensibilité au milieu de sélection (figure 17B).

25 Ainsi que cela ressort de ce qui précède, l'invention ne se limite nullement à ceux de ses modes de mise en oeuvre, de réalisation et d'application qui viennent d'être décrits de façon plus explicite ; elle en embrasse au contraire toutes les variantes qui peuvent venir à l'esprit du technicien en la matière, sans s'écarter du cadre, ni de la portée, de la présente invention.

REVENDICATIONS

1°) Séquence d'acide nucléique, caractérisée en ce qu'elle présente la séquence SEQ ID NO:1 et en ce qu'elle est apte à exprimer une protéine kin17 humaine fonctionnelle.

5 2°) Séquence d'acide nucléique, caractérisée en ce qu'elle code pour une protéine kin17 tronquée au niveau d'une région homologue à la protéine recA.

3°) Séquence d'acide nucléique selon la revendication 2, caractérisée en ce qu'elle code pour une protéine kin17 tronquée qui correspond à une protéine kin17, dans laquelle au moins le fragment compris entre les aminoacides 162 et 201 et
10 au plus le fragment compris entre les aminoacides 55-235 est délété.

4°) Séquence selon la revendication 3, caractérisée en ce que ladite séquence d'acide nucléique code pour une protéine kin17 tronquée qui correspond à la protéine kin17 de souris dans laquelle le fragment compris entre les aminoacides 129-228 est délété et en ce qu'elle présente la séquence SEQ ID NO:2.

15 5°) Séquence selon la revendication 3, caractérisée en ce que ladite séquence d'acide nucléique code pour une protéine kin17 tronquée qui correspond à la protéine kin17 humaine dans laquelle le fragment 129-228 est délété et en ce qu'elle présente la séquence SEQ ID NO:3.

6°) Fragments de la séquence SEQ ID NO:1, pour la détection du
20 gène codant pour la protéine kin17 humaine et/ou de l'ARN du gène *Kin17* dans un échantillon biologique.

7°) Fragments selon la revendication 6, caractérisés en ce qu'ils sont sélectionnés dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:4-21 et 33.

8°) Procédé de détection de l'ADN génomique ou d'un produit de
25 transcription du gène humain *Kin17*, par hybridation et/ou amplification génique, réalisé à partir d'un échantillon biologique, lequel procédé est caractérisé en ce qu'il comprend :

(1) une étape au cours de laquelle l'on met en contact un échantillon biologique à analyser avec au moins une sonde sélectionnée dans le groupe constitué
30 par les séquences SEQ ID NO:1-21 et 33 et

(2) une étape au cours de laquelle on détecte par tout moyen approprié le ou les produits résultant de l'interaction séquence nucléotidique-sonde.

9°) Procédé selon la revendication 8, caractérisé en ce que la sonde de l'étape (1) est éventuellement marquée à l'aide d'un marqueur tel qu'un isotope radioactif, une enzyme appropriée ou un fluorochrome.

10°) Procédé selon la revendication 8 ou la revendication 9, caractérisé en ce que ladite sonde est constituée par la séquence SEQ ID NO:4.

11°) Procédé selon l'une quelconque des revendications 8 à 10, caractérisé en ce qu'il peut comprendre, préalablement à l'étape (1) :

- 10 . une étape d'extraction de l'acide nucléique à détecter, et
- . au moins un cycle d'amplification génique réalisé à l'aide d'une paire d'amorces sélectionnée parmi les séquences SEQ ID NO:5-21, de préférence à l'aide de la paire d'amorces SEQ ID NO:16 et SEQ ID NO:17.

12°) Procédé de détection d'un produit de transcription du gène humain *Kin17*, caractérisé en ce qu'il comprend :

- une étape d'extraction de l'ARN à détecter,
- une étape de synthèse de l'ADNc correspondant audit ARN par transcription inverse en présence d'amorces aléatoires,
- au moins un cycle d'amplification génique réalisé à l'aide d'une
- 20 paire d'amorces sélectionnée parmi les séquences SEQ ID NO:5-21, et
- la détection du produit amplifié.

13°) Procédé de détection selon la revendication 12, caractérisé en ce que ladite paire d'amorces est sélectionnée dans le groupe constitué par les paires suivantes : séquences SEQ ID NO:5 et SEQ ID NO :12, qui permettent d'amplifier un

25 fragment de 453 pb ; séquences SEQ ID NO: 18 et SEQ ID NO:19, qui permettent d'amplifier un fragment de 1265 pb et séquences SEQ ID NO:16 et SEQ ID NO:7, qui permettent d'amplifier un fragment de 224 pb.

14°) Procédé de détection selon la revendication 12 ou la revendication 13, caractérisé en ce que la détection est effectuée par électrophorèse sur gel et

30 révélation convenable, suivi éventuellement d'une quantification.

15°) Protéine kin17 Δ RH, caractérisée en ce qu'elle correspond à une protéine kin17 tronquée au niveau d'une région homologue à la protéine recA.

16°) Protéine kin17 Δ RH selon la revendication 15, caractérisée en ce qu'elle correspond à une protéine kin17 dans laquelle au moins le fragment compris
5 entre les aminoacides 162 et 201 et au plus le fragment compris entre les aminoacides 55-235 est délété.

17°) Protéine kin17 Δ RH selon la revendication 16, caractérisée en ce que ladite protéine kin17 tronquée correspond à la protéine kin17 de souris dans laquelle le fragment compris entre les aminoacides 129-228 est délété et présente la
10 séquence SEQ ID NO:22 (séquence dénommée M_m kin17 Δ RH).

18°) Protéine kin17 Δ RH selon la revendication 16, caractérisée en ce que ladite protéine kin17 tronquée correspond à une protéine kin17 humaine dans laquelle le fragment 129-228 est délété et présente la séquence SEQ ID NO:23 (séquence dénommée H_s kin17 Δ RH).

15 19°) Fragment d'une séquence d'acide nucléique codant pour un segment d'une protéine kin17 de mammifère, caractérisé en ce qu'il comprend entre 300 et 360 nucléotides codant pour la partie C-terminale d'une protéine kin17 de mammifère (SEQ ID NO :1 ou SEQ ID NO :24) et est apte à contrôler la prolifération cellulaire.

20 20°) Fragment selon la revendication 19, caractérisé en ce qu'il est sélectionné dans le groupe constitué par la SEQ ID NO:33 et la SEQ ID NO:34.

21°) Fragment de protéine kin17, caractérisé en ce qu'il comprend entre 100 et 120 acides aminés, situés en position C-terminale de la séquence SEQ ID NO :25 ou de la séquence SEQ ID NO :26.

25 22°) Fragment selon la revendication 21, caractérisé en ce qu'il est sélectionné dans le groupe constitué par la SEQ ID NO:35 et la SEQ ID NO:36.

23°) Utilisation d'une protéine kin17 de mammifère ou d'un fragment de protéine selon l'une quelconque des revendications 21 et 22, pour la préparation d'un médicament contrôlant la prolifération cellulaire.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Inter national Application No
PCT/FR 98/02667

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12N15/12 C12Q1/68 C07K14/47 A61K38/17 A61K31/70

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C07K C12N

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No
X	P. KANNOUCHE ET AL: "Overexpression of KIn17 protein forms intranuclear foci in mammalian cells" BIOCHIMIE, vol. 79, no. 9-10, October 1997, pages 599-606, XP002076394	2-4, 15-17, 27
A	* whole document in particular pages 600 and 601 -/--	1, 6-14, 18-21, 23, 31

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance: the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance: the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

15 April 1999

Date of mailing of the international search report

03/05/1999

Name and mailing address of the ISA
European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk

Authorized officer

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Inter. Appl. No.

PCT/FR 98/02667

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	FR 2 706 487 A (COMMISSARIAT A L' ENERGIE ATOMIQUE) 23 December 1994 cited in the application	1,6
A	see claims; figures 1,8; examples 1-3,7 see page 6, line 17 - page 7 see page 8, line 25 - line 33 see page 8, line 34 - page 9, line 30 see page 6, line 19 - page 7, line 36 see page 5, line 10 - line 20 see page 10, line 13 - page 11, line 10 ----	7-14,31, 32
A	D.S.F. BIARD ET AL: "Differential expression of the hskln17 protein during differentiation of in vitro reconstructed human skin" ARCHIVES OF DERMATOLOGICAL RESEARCH, vol. 289, no. 8, July 1997, pages 448-456, XP002076395 cited in the application see abstract see page 455, left-hand column see page 453, right-hand column see page 451, right-hand column see page 449, left-hand column ----	1,15,23, 24
A	A. MAZIN ET AL: "kin17, a mouse nuclear zinc finger protein that binds preferentially to curved DNA" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 22, no. 20, 1994, pages 4335-4341, XP002076396 OXFORD GB cited in the application see page 4336 see page 4337, right-hand column - page 4338, left-hand column ----	2-5, 15-18,31
X	M.D. ADAMS ET AL: "EST63674 jurkat T-cells V Homo sapiens cDNA5' end similar to zinc finger protein KIN17" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ60420, ACCESSION NUMBER AA355283,18 April 1997, XP002099852 see abstract & M.D. ADAMS ET AL: "initial assessment of human gene diversity and expression patterns based upon 83 million nucleotides of cDNA sequence" NATURE., vol. 377, 1995, pages 3-174, LONDON GB ----- -/-	6

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/FR 98/02667

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	J.F. ANGULO ET AL: "Identification and expression of the cDNA of KIN17, a zinc-finger gene located on mouse chromosome 2, encoding a new DNA-binding protein" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 19, no. 19, 1991, pages 5117-5123, XP002076397 OXFORD GB cited in the application	1,6,27
A	see the whole document	7-14
A	--- D.S.F. BIARD ET AL: "Enhanced expression of the Kin17 protein immediately after low doses of ionizing radiation" RADIATION RESEARCH, vol. 147, no. 4, April 1997, pages 442-450, XP002076398 cited in the application see the whole document	23,24
A	--- J.F. ANGULO ET AL: "Identification of a mouse cDNA fragment whose expressed polypeptide reacts with anti-Reca antibodies" BIOCHIMIE, vol. 73, no. 2-3, March 1991, pages 251-256, XP002076423 cited in the application see page 255; figure 3 see page 254	6,31
A	--- A. TISSIER ET AL: "Molecular cloning and characterization of the mouse Kin17 gene coding for a Zn-finger protein that preferentially recognizes Bent DNA" GENOMICS, vol. 38, no. 2, 1 December 1996, pages 238-242, XP002099853 see the whole document	1,6-14
T	--- P. KANNOUCHE ET AL: "The nuclear concentration of Kin17, a mouse protein that binds to curved DNA, increases during cell proliferation and after UV irradiation" CARCINOGENESIS, vol. 19, no. 5, May 1998, pages 781-789, XP002076399 -----	

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/FR 98/02667

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
FR 2706487 A	23-12-1994	NONE	

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Dem. Internationale No
PCT/FR 98/02667

A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE
CIB 6 C12N15/12 C12Q1/68

C07K14/47

A61K38/17

A61K31/70

Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB

B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE

Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement)
CIB 6 C07K C12N

Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche

Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si réalisable, termes de recherche utilisés)

C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	P. KANNOUCHE ET AL: "Overexpression of KIn17 protein forms intranuclear foci in mammalian cells" BIOCHIMIE, vol. 79, no. 9-10, octobre 1997, pages 599-606, XP002076394	2-4, 15-17,27
A	* le document en entier plus particulièrement pages 600 et 601*	1,6-14, 18-21, 23,31
	-/--	

☒ Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents

☒ Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe

* Catégories spéciales de documents cités:

"A" document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent

"E" document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date

"L" document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée)

"O" document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens

"P" document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée

"T" document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention

"X" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément

"Y" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier

"&" document qui fait partie de la même famille de brevets

Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée

15 avril 1999

Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale

03/05/1999

Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale

Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (31) 70 340 2040, Tx 31 551 300 0

Fonctionnaire autorisé

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Dem a Internationale No
PCT/FR 98/02667

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Categorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	FR 2 706 487 A (COMMISSARIAT A L' ENERGIE ATOMIQUE) 23 décembre 1994 cité dans la demande	1,6
A	voir revendications; figures 1,8; exemples 1-3,7 voir page 6, ligne 17 - page 7 voir page 8, ligne 25 - ligne 33 voir page 8, ligne 34 - page 9, ligne 30 voir page 6, ligne 19 - page 7, ligne 36 voir page 5, ligne 10 - ligne 20 voir page 10, ligne 13 - page 11, ligne 10 ---	7-14,31, 32
A	D.S.F. BIARD ET AL: "Differential expression of the hskln17 protein during differentiation of in vitro reconstructed human skin" ARCHIVES OF DERMATOLOGICAL RESEARCH, vol. 289, no. 8, juillet 1997, pages 448-456, XP002076395 cité dans la demande voir abrégé voir page 455, colonne de gauche voir page 453, colonne de droite voir page 451, colonne de droite voir page 449, colonne de gauche ---	1,15,23, 24
A	A. MAZIN ET AL: "kin17, a mouse nuclear zinc finger protein that binds preferentially to curved DNA" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 22, no. 20, 1994, pages 4335-4341, XP002076396 OXFORD GB cité dans la demande voir page 4336 voir page 4337, colonne de droite - page 4338, colonne de gauche ---	2-5, 15-18,31
X	M.D. ADAMS ET AL: "EST63674 jurkat T-cells V Homo sapiens cDNA5' end similar to zinc finger protein KIN17" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ60420, ACCESSION NUMBER AA355283,18 avril 1997, XP002099852 voir abrégé & M.D. ADAMS ET AL: "initial assessment of human gene diversity and expression patterns based upon 83 million nucleotides of cDNA sequence" NATURE., vol. 377, 1995, pages 3-174, LONDON GB ---	6

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Dem e Internationale No
PCT/FR 98/02667

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Categorie	Identification des documents cités. avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	J.F. ANGULO ET AL: "Identification and expression of the cDNA of KIN17, a zinc-finger gene located on mouse chromosome 2 , encoding a new DNA-binding protein" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 19, no. 19, 1991, pages 5117-5123, XP002076397 OXFORD GB cité dans la demande	1,6,27
A	voir le document en entier	7-14
A	D.S.F. BIARD ET AL: "Enhanced expression of the Kin17 protein immediately after low doses of ionizing radiation" RADIATION RESEARCH, vol. 147, no. 4, avril 1997, pages 442-450, XP002076398 cité dans la demande voir le document en entier	23,24
A	J.F. ANGULO ET AL: "Identification of a mouse cDNA fragment whose expressed polypeptide reacts with anti-Reca antibodies" BIOCHIMIE, vol. 73, no. 2-3, mars 1991, pages 251-256, XP002076423 cité dans la demande voir page 255; figure 3 voir page 254	6,31
A	A. TISSIER ET AL: "Molecular cloning and characterization of the mouse Kin17 gene coding for a Zn-finger protein that preferentially recognizes Bent DNA" GENOMICS, vol. 38, no. 2, 1 décembre 1996, pages 238-242, XP002099853 voir le document en entier	1,6-14
T	P. KANNOUCHE ET AL: "The nuclear concentration of Kin17, a mouse protein that binds to curved DNA, increases during cell proliferation and after UV irradiation" CARCINOGENESIS, vol. 19, no. 5, mai 1998, pages 781-789, XP002076399	

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Renseignements relatifs aux membres de familles de brevets

Dern. e Internationale No

PCT/FR 98/02667

Document brevet cité au rapport de recherche	Date de publication	Membre(s) de la famille de brevet(s)	Date de publication
FR 2706487	A	23-12-1994	AUCUN